



環境部環境管理署

112 年度土壤及地下水污染整治基金補助研究與模場試驗專案

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫

(結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發)

(第 2 年)

期末報告(定 稿)

主 辦 單 位：  環境部環境管理署

專案執行單位： 國立中興大學環境教育暨永續科技研發中心

專案主持人： 張書奇副教授

專案執行期間： 112 年 12 月 18 日起至

113 年 11 月 29 日止

中 華 民 國 一 一 三 年 十 二 月 印 製



(空白頁)



專案基本資料表

專案性質		☒ 實驗性質 ☐ 非實驗性質		專案類別(單選)		☐ 先導型 ☐ 研究型 ☒ 模場型	
研究主題		☐ 調查 ☒ 整治 ☐ 其他					
申請機構系所		國立中興大學環境教育暨永續科技研發中心					
機構地址		540 南投縣南投市虎山路 3 號 4 樓					
專案主持人		張書奇		職等／職稱		副教授	
協同主持人		吳俊霖		職等／職稱		教授兼系主任	
專案 名稱	中文	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫(結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發)(第2年)					
	英文	A pilot study on the remediation of Nankan River sediment (Technology development of the remediation of the sediments contaminated by polybrominated diphenyl ethers by integrating artificial intelligence - Year 2)					
	關鍵字	底泥整治、南崁溪、模場試驗、相反轉法、多溴二苯醚、人工智慧					
執行期程		自民國 112 年 12 月 18 日起至民國 113 年 11 月 29 日止					
專案主持人		姓名：張書奇		E-mail：shuchichang@nchu.edu.tw		專線：04-22840441#513 手機：0963439170	
專兼任人員		姓名：蔡姿妤		E-mail：z21324821@gmail.com		專線：04-22840441#702 手機：0966020733	
經費 分析 總 表 (僅模場試驗專 案需填寫兩年 度金額)	專 案 預 估 經 費		第一年 金額	第二年 金額	編列說明		
	1.	人事費用	673,200	660,000	(1~5 項相加之 50%為限)		
	2.	設備使用含維護費	0	0	(與計畫實驗相關)		
	3.	耗材與主要費用	1,100,000	2,360,000	(與計畫主體相關)		
	4.	其它研究相關費用	23,200	130,000	(含差旅與租賃費用)		
	5.	行政管理費	233,600	350,000	(1~5 項相加之 15%為限)		
	6.	自籌款	0	0	(自行籌備款項)		
	申請補助金額(1~5 項)		2,030,000	3,500,000	總金額：5,530,000		
	計畫總金額(1~6 項)		2,030,000	3,500,000	總金額：5,530,000		

專案主持人：_____ 日期：113 年 12 月 6 日



(空白頁)



112 年度專案成果績效自評表

填表日期：113 年 10 月 17 日

一、專案基本資料

專案性質	☒ 實驗性質 ☐ 非實驗性質	專案類別	☐ 先導型 ☐ 研究型 ☒ 模場型
研究主題	☒ 整治 ☐ 調查 ☐ 其他		
執行機構	國立中興大學環境教育暨永續科技研發中心	專案主持人	張書奇
專案名稱	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫（結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發）（第 2 年）		
專案執行期程	☐ 申請階段 ☐ 期中 ☒ 成果		

二、成果績效自評

「計畫總預估數」應與計畫審查核定值相符，請執行單位依實際達成之量化成果填寫於欄位中。

（一）學術面

目標達成程度			申請 預估數	期中 達成數	成果 達成數	結案後半年 達成率	備註 (說明未達成原因或學術產出發 表名稱)
項目							
A 學術產出及活動	1.國內投稿 (篇數)	(1)論文	2	0	2	100%	2 年期計畫，每年 1 篇，已經於 113 年 6 月 30 日前完成國內期刊論文投稿 2 篇，目前 1 篇已經被接受發表。
		(2)研討會論文	2	0	2	100%	2 年期計畫，每年 1 篇，112/8/10 已完成投稿環工年會 1 篇。已於 113/8/31 前完成第 2 篇投稿，已經確定口頭發表。
	2.國外投稿 (篇數)	(1)期刊論文	2	1	1	(100%)	2 年期計畫，每年 1 篇，預計 113/2/28 日前前完成第 1 篇投稿。預計 114/5/28 前完成第 2 篇。
		(2)國際研討會 論文發表	1	1	1	100%	2 年期計畫，共 1 篇，已投稿 IWA2024 國際研討會 1 篇，並且已獲接受。
	3.報告 (篇數)	(1)技術報告	0	0	NA	NA	
		(2)研究報告	2	2	2	100%	2 年期計畫，每年 1 篇，112/7/31 前，已完成碩士論文研究報告 1 篇。第 2 篇已經於 113/8/31 前完成。
	4.專著 (本數)		0	0	NA	NA	



項目 \ 目標達成程度			申請 預估數	期中 達成數	成果 達成數	結案後半年 達成率	備註 (說明未達成原因或學術產出發 表名稱)
	5.辦理學術 會議(場數)	(1)研討/說明會	1	1	1	100%	2 年期計畫，共 1 次，將由本人 擔任共同主持 人之土水聯盟 辦理一次說明 會，已經於第 113 年 6 月完成。
		(2)成果發表會	0	0	NA	NA	
		(3)論壇	0	0	NA	NA	
	6.研發改良 技術(項數)	(1)已開發技術	1	1	1	100%	2 年期計畫，共 1 項，已完成， 將申請專利。
		(2)技術平台	1	1	1	100%	2 年期計畫，共 1 項，已完成。
	7.技術獎項(項數)		0	0	NA	NA	
B 人才 培育	8.研發人員 (人數)	(1)碩士	4	2	2	100%	2 年期計畫，每 年 2 人，共 4 人。第 1 年為勞 翊雲與陳毅恆， 已於 112 年 8 月底前畢業離 校，任職於業 界。第 2 年為詹 弼萱與洪浚銘， 於 113 年 8 月底前畢業離 校並任職於業 界。
		(2)博士	0	0	1	>100%	目前有 1 位博士 生，已於 112 年 12 月畢業。
	9.研究團隊 (個數)	(1)跨領域團隊	1	1	1	100%	已經與資工系 系主任吳俊霖 教授建立跨領 域底泥+AI 研究 團隊。
		(2)跨機構團隊	0	0	NA	NA	
		(3)形成研究中 心	1	1	1	100%	本人在本系教 師協助下已經 在本校申請成 立校級環境教 育暨永續科技 研發中心(環科 中心)，經 6 月 10 日之本校第 97 次校務會議 通過，於 111/9/1 正式掛牌成立。
		(4)形成實驗室	1	0	1	100%	已於環境教育 暨永續科技研 發中心下成立 底泥檢測實驗 室，目前因南投 縣政府尚未核 給使用執照，預 計要到 113 年 12 月才正式啟用。
	10.其他指標 (請自行命名)		0	0	NA	NA	



(二) 產業面

目標達成程度				申請 預估數	期中 達成數	成果 達成數	結案後半年 達成率	備註 (說明未達成原因或專利、技術轉移相關詳細資料)
項目								
A 智慧 財產權	1.專利 (件數)	已 核 准	發明	0	0	NA	NA	
			新型/設計	0	0	NA	NA	
			合計	0	0	NA	NA	
		申 請 中	發明	1	0	1	100%	2 年期計畫，共 1 項，已於 113/10/31 前完成申請。
			新型/設計	0	0	NA	NA	
			合計	1	1	1	100%	2 年期計畫，共 1 項，已於 113/10/31 前完成申請。
B 研發 技術轉 移	2.先期技術 成果移轉	件數		0	0	NA	NA	
		授權金(仟元)		0	0	NA	NA	
		衍 生 利 益 金 (仟元)		0	0	NA	NA	
	3.技術移轉 (專利)	件數		0	0	NA	NA	
		授權金(仟元)		0	0	NA	NA	
		衍生利益金 (仟元)		0	0	NA	NA	
	4.技術移轉 (應用技術)	件數		0	0	NA	NA	
		授權金(仟元)		0	0	NA	NA	
		衍 生 利 益 金 (仟元)		0	0	NA	NA	
	5.可移轉 產業技術	(1)技術(件數)		1	0	1	100%	2 年期計畫，共 1 件，已完成。
		(2)品種/系 (件數)		0	0	NA	NA	
C	6.促成合作	件數		1	1	1	100	2 年期計畫，共 1 件，已完成。



項目 \ 目標達成程度			申請 預估數	期中 達成數	成果 達成數	結案後半年 達成率	備註 (說明未達成原因或專利、技術轉移相關詳細資料)
產學研 合作	研究	金額(仟元)	500	500	500	100%	2 年期計畫，已經促成 1 項與裕山公司之產學計畫，計畫經費 500,000 元，已完成簽約並已於 113/3/31 完成。主要是應用 ISPIE/BiRD 技術所衍生之微生物群系再造技術修飾現地微生物菌群再灌注回原場址進行 TCE 污染整治，證明可行。
	7.促成投資	件數	0	0	NA	NA	
		投資金額(仟元)	0	0	NA	NA	
	8.促成取得 業界科專	件數	0	0	NA	NA	
		業界投資金額(仟元)	0	0	NA	NA	
9.其他指標 (請自行命名)		(請自填)	0	0	NA	NA	



(三) 政策面

項目 \ 目標達成程度			申請預估數	期中達成數	成果達成數	結案後半年達成率	備註 (說明未達成原因或其他詳細資料)
A 服務 便民	1.技術服務	次數	5	5	5	100%	2年期計畫,共5次。
		收入(仟元)	200	281	401	201%	2年期計畫,第1年已經完成329仟元。第2年已完 成72.325仟元。
	2.諮詢服務	次數	5	5	5	100%	2年期計畫,第1年即已經完成5件。
		收入(仟元)	0	0	NA	NA	屬免費諮詢。
B 政策 推動	3.協助政府推動 (件數)	(1)政策	0	0	NA	NA	
		(2)法規	0	0	NA	NA	
C 技術 效益	4.整治技術提升(%)		15	0	140	>100	依據近來3篇相關報導指出, BDE-209在生物降解之半生期 $t_{1/2}$ 分別為238天 (Sun et al., 2024)、108天到大於120天 (Chang et al., 2016)及152天到大於180天 (Demirtepe and Imamoglu, 2019),則較高速率者平均166d,則一階生物降解速率為0.004176 d ⁻¹ ,本計畫成果風化組最佳者為文獻記載之1.4倍;而添加組為文獻記載之3.8倍。
	5.整治成本降低(%)		20	0	>26	>100	依據上方之計算,可降低99%之時間比例,即可得風化組最佳者為文獻記載之71%,可解省經費約為29%;而添加組為文獻記載之26%,可解省經費約為74%。
	6.提升能源效率(%)		0	0	NA	NA	
7.其他指標 (請自行命名)		(請自填)	0	0	NA	NA	

三、 請依前述學術面、產業面、政策面等預期量化成果，具體敘明研究成果對本



署政策推動之助益。(200 字為限)

學術面(如國內外研討會、期刊投稿件數、或人才培育碩博士生說明)

1. 2 年期計畫投稿國際 SCI 期刊 2 篇，國內期刊 2 篇，參與國際研討會發表論文 2 篇。
2. 2 年期計畫預計可培育 4 名碩士生、2 名大學部參與研究同學。
3. 主辦台灣越南雙方線上研討會 1 次(113 年 6 月 14 日舉辦)並協辦一次技術說明會(113 年 6 月 21 日舉辦)。

產業面(如合作研發產業、申請專利、洽談技術移轉廠商件數說明)

1. 申請發明專利 1 件。
2. 本計畫將與國內最早涉足底泥污染檢測的方達科技股份有限公司合作開發 ISPIE/BiRD 技術及其應用。

政策面(如整治費用降低、特定污染物整治效益提升、或提供政府作為監測/管制標準、污染查核、場址管理等政策及法規研訂之參考)

1. 務實改善 ISPIE/BiRD 程序，降低 20% 成本並提升 15% 處理效率，可有效提高整治可行性並降低整治成本。
2. 將底泥物理化學特性、污染物種類、菌群中各菌種之 16S 核糖體基因 copy 數、水質特性等參數彙整後，利用人工智慧深度機器學習技術進行學習分析，預期可發現重金屬濃度下底泥中 BDE-209 污染整治之重要關鍵因子。
3. 此成果將有助於將來規範 PBDEs 相關污染物之監測與管制標準。

四、主要研究人力

請依照「專案主持人」、「協同主持人」、「專任人員」、「兼任人員」及「臨時工」等類別之順序分別填寫

姓名	服務機構/系所	職稱	在本研究專案內擔任之具體工作性質、項目及範圍	執行期間
張書奇	國立中興大學/ 環境教育暨永續科技研發中心	副教授	在本專案內擔任之具體工作為負責計畫綜整、研究構想、指導及監督研究人員進行模場試驗設施之設計施工監造、安裝等。並指導相關實驗、數據分析與論文寫作、工作報告、期中及期末成果報告撰寫等。	20%
吳俊霖	國立中興大學/ 資訊科學與工程學系	教授	與計畫主持人張書奇共同執行南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫，負責人工智慧之機器學習工作項目並協助研究指導及監督研究人員進行相關資料分析，協助完成數據分析、論文寫作及成果報告撰寫。	20%
洪浚銘	國立中興大學/ 環境工程學系	研究助理	底泥 BDE-209 之生物分解菌群馴養、ISPIE 操作、現地採樣、樣品之前處理、快速萃取、樣品 Clean-up、BDE-209 之 GC-ECD 分析操作學習及實際操作並協助資料分析等。	50%
蕭有霖	國立中興大學/ 環境工程學系	研究助理	負責底初期底泥採樣與模場設施相關工作，如租車路線安排、潮汐調查、12 英吋 PVC 管與 1.5 吋鍍鋅鋼管之購買裁切、鑽孔、切縫，1.25 吋管帽加工與黏接、現場施工、鋼管錨定、鋼索繫留裝置、現場旗標設立，告示牌製作與設立。	50%
蔡姿妤	國立中興大學/	研究	協助底泥 BDE-209 之生物分解菌群馴養、ISPIE	25%



	環境工程學系	助理	操作、現地採樣，並且協助 TGS 樣品之 DNA 萃取、送樣、報告數據分析等。	
許綵芬	國立中興大學/ 環境工程學系	研究 助理	協助底泥 BDE-209 之生物分解菌群馴養協、TGS 樣品之報告數據分析等。	50%
許弘麒	國立中興大學/ 資訊科學與工程學系	研究 助理	負責人工智慧之機器學習工作項目之實際執行工作，如程式撰寫、學習案例提供、程式校正、結果分析等。	25%
	(以下空白)			

五、產業界資源投入表

專案執行若有與產業界合作，請執行單位依實際量化成果填寫於欄位中。

投入資源類別	數量	說明
1.自籌款	0 元	
2.人力	1.0 人月	主要是參加小組研究會議與觀摩技術研發過程。
3.設備	無	
4.其他資源 (請自行增列)	提供過去中央管河川之底泥檢測資料與實際採樣經驗	提供過去中央管河川之底泥檢測資料與實際採樣經驗，而整治與技術研發部分則由本研究團隊進行，方達科技則是參與觀摩研究發展進程與做為承接技術移轉之潛力廠商。



(空白頁)



環境部環境管理署「土壤及地下水污染整治基金補助研究與模場試驗專案」

☐構想書 ☐申請計畫書 ☐期中報告
☐修正計畫書 ☒成果報告

審查意見回覆對照表

計畫年度	112 年度	計畫類型	☐ 先導型 ☐ 研究型 ☒ 模場型
計畫類別	☐ 調查 ☒ 整治 ☐ 其他		主持人：張書奇 NO：C6
計畫名稱	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫（結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發）		
審查意見		執行單位回覆	
委員一 1. 本計畫報告書內容完整，包含詳細說明本技術之適用情境及限制，P.78、P.79 成本效益評估，並於 P.84、P.85 給予短中長程之建議，予以肯定。 2. 研究達成預期目的，且符合預期工作進度。 3. P.84 結論第 3 項，說明「添加組回收率普遍優於添加組...」應屬誤繕，請修正。 4. 本計畫將結合人工智慧及基因資料庫進行數據分析，未來是否有相關擴展應用之預期成果？ 5. 本計畫內容包含諸多研究面向與研究成果，以計畫有限經費而言算是相當超值，但是也因為內容太多難以聚焦討論研究成果，建議可以略為精簡放在報告書中的研究成果，以利深入探討重要成果，使其發揮更大成效。		委員一 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定。 3. 感謝委員指教，已經遵照修正。 4. 感謝委員指教，未來之相關擴展應用補充於結果與討論中人工智慧機器學習與深度學習最後一段。 5. 感謝委員指教，期末成果報告將進一步精簡，將次要成果納入附件，以便於聚焦討論。	
委員二 1. 有關報告中 BDE-209 降解結果顯示，添加組降解效果明顯優於風化組，且深層底泥之生物降解效果較淺層為佳，而添加組之 FNR-L 最佳總去除率可達 84%，遠高於第一年之管柱實驗最佳移除率 59%，建議可探討底泥深度對降解效率之影響機制，並研究是否能透過調整操作參數來提升風化組的處理效果，以期在實場應用時能獲得更佳的整治成效。 2. 有關 TGS 分析結果顯示，有進行 ISPIE 技術之組別可觀察到 Clostridium 屬豐度提升，且降解能力佳之組別有 Shannon index 與 observed feature 均偏低之情況，建議可針對這些優勢菌種進行功能性基因分析，探討其在 BDE-209 降解過程中扮演的具體角色，並研究如何透過調控環境條件來促進功能菌群的生長，以提升		委員二 1. 感謝委員指教，由於現地模場試驗之添加組之初始濃度（約 34.1 mg/kg）高於管柱實驗之添加組（約 5.0 mg/kg），這可能是有明顯差異之原因；至於如何提高風化組之去除率，以及去除率與深度之關係，已增加一段討論於第 45 頁（5.2 節最後一段）。 2. 感謝委員指教，已針對 功能性基因及功能預測 進行探討，請見第 71 頁至第 72 頁。 3. 感謝委員指教，後續擴大數據庫規模以及納入更多不同環境條件下的數據是高度可行的。但在嘗試開發即時監測與預測系統部分仍充滿挑戰，此部分在機器學習最後一段有較詳細說明，請見第 71 至 72 頁。 4. 非常感謝委員指教，後續計畫將針對底泥深度影響機制、優勢菌種功能分析及擴充數據集等	



整體處理效能。 3. 有關機器學習分析結果顯示，LASSO 模式在所有資料、風化組資料與添加組資料之最終交叉驗證的預測值與實際值較貼近，且約需 250 個 ASVs 才能有效預測 BDE-209 之降解效率，建議後續可擴大數據庫規模，納入更多不同環境條件下的數據，並嘗試開發即時監測與預測系統，以提升技術應用的實用性與可靠性。 4. 本研究透過降解效率評估、微生物群落分析及機器學習預測模型等多面向研究，成功探討 BDE-209 的處理機制並建立預測工具，建議後續可針對底泥深度影響機制、優勢菌種功能分析及擴充數據集等方向研究，以提升整治技術的實務應用效益，並為相關污染物的處理策略提供科學依據，有助於提升環境污染整治的效能與決策品質。	方向加強研究，希望能如委員所言達到提升整治技術的實務應用效益與環境污染整治的效能與決策品質。
委員三 1. 3.4.2 小節標題為模場試驗背景說明，然內容和此標題不合。 2. 報告內各節內容過多，不易閱讀，除了可以細分小節外，建議部分內容可以簡化，甚至以表格呈現，以利閱讀。 3. 現地操作流程宜有明確的表述。 4. 建議以專節討論河口漲退潮及鹽分的影響。 5. 由於本研究的結論過多，反觀第二章研究目的內容，並未明確指出研究目的，建議目的與結論要有所對應，不是研究目的之一，就無需要做結論。 6. 本報告撰寫模式及呈現方式較像學術論文，建議爾後類似公部門任務取向的計畫報告，宜聚焦且精簡(避免發散)並有明確的目的及結論。	委員三 1. 感謝委員指教，已經修正。 2. 感謝委員指教，已經遵照委員意見進一步精簡，次要內容已經加入附件中。 3. 感謝委員指教，現地操作流程請參考附件五之標準作業程序。 4. 感謝委員指教，已經將河口漲退潮及鹽分對 BiRD 影響已在 5.9 節進行討論 5. 感謝委員指教，遵照委員意見修正第二章研究目的內容，並修正結論部分，與目的呼應一致。 6. 感謝委員指教，此次成果報告已經依照委員意見加以聚焦討論，爾後成果報告也將依照委員意見辦理。
委員四 1. 圖 5-18-20 中的曲線代表意義為何?建議應說明清楚。 2. 整體報告內容充實，但建議針對人工智慧應用於本研究計畫的內容建議可以多增加說明。	委員四 1. 感謝委員指教，圖 5-18-20 中的紅色曲線代表 BKU 與 BKL 組之趨勢，而綠色曲線則是標示出最佳表現之 WNRL 與 FNRL 組之趨勢，已經在 Alpha diversity 一節中加以說明。 2. 感謝委員指教，針對人工智慧應用於本研究計畫的內容已經增加說明於第 71 頁至第 72 頁，另請參考附件十四之機器學習說明相關資料。



委員五 1. 建議第 5.7 節研討會可補充辦理內容、成果或心得摘述。 2. 建議 11 月 7 日會議簡報之機器學習資料，可作為報告附件呈現。 3. 請補充本技術成本效益分析。 4. 報告書自評表及意見回復對照頁碼錯誤，請修正。	委員五 1. 感謝委員指教，第 5.7 節研討會已補充辦理內容、成果與心得摘述，請參考第 71 頁至第 73 頁。 2. 感謝委員指教，已將 113 年 11 月 7 日會議簡報之機器學習資料納入報告附件十四。 3. 感謝委員指教，已經補充本技術成本效益分析於第 80 頁至第 82 頁。 4. 感謝委員指教，已完成本計畫成果報告書自評表及意見回復對照頁碼錯誤修正（期中報告與計畫申請書審查意見回覆部份無法修改）。
--	--



環境部環境管理署「土壤及地下水污染整治基金補助研究與模場試驗專案」

□構想書 □申請計畫書 ■期中報告

□修正計畫書 □成果報告

審查意見回覆對照表

計畫年度	112 年度	計畫類型	□先導型 □研究型 ■模場型
計畫類別	□調查 ■整治 □其他	主持人：張書奇	NO：C6
計畫名稱	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫（結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發）		
審查意見		執行單位回覆	
委員一 1. 本計畫研究成果豐富且具有實績運用之可行性，整體執行進度與預訂相符無落後。 2. 補充說明人工智慧機器學習無法產生有效學習時，以人工挑選固定特徵之參考依據。		委員一 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員指教，此部分係指若因現場條件導致資料過於混亂時，將以類似專家系統之作法進行，此種作法與目前機器學習大為不同，是以所謂 heuristic knowledge 方式進行邏輯推導，涉及自行撰寫程式。但此次資料相當良好，以機器學習已經可得到良好效果，無須以此種方式進行。	
委員二 1. 本計畫有蒐集豐富文獻資料且執行進度與預定進度大致相符，計畫執行進度並無落後。 2. 整體研究成果尚符合預期成果，且學術產出及活動績之國內外投稿績效及產業面專利申請等進度表現優秀。 3. P.32，內文提及馴養完成與否應依總菌數增加且污染物下降來決定，建議應於第 5 章、結果與討論說明菌群馴養結果為何。 4. 有關生物降解過程之產物分析，建議應列入後續執行工作項目，以進一步瞭解可能的降解途徑。 5. 本計畫提出結合人工智慧以 ISPIE/BiRD 進行跨介質及跨不同污染物之整治平台技術研發及模場試驗驗證，並以南崁溪底泥整治為研究對象，整治底泥中溴苯醚類污染物，對於國內土壤地下水污染領域之研究發展有所助益。		委員二 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定。 3. 感謝委員指教，已敘述於 5.1 節。 4. 感謝委員指教，由於本計畫重點在於測試 ISPIE/BiRD 對於移除現地 BDE-209 之效能，並未針對其可能產物與降解途徑進行研究。 5. 感謝委員肯定。	
委員三 1. 本計畫一大亮點為「結合人工智慧」，但在報告書中目前並未看到相關內容著墨於人工智慧扮演之角色以及應用之初步結果，有鑒於目前為期中報告，建議後續可以獨立一小節特別說明「人工智慧」對於本計畫之預期貢獻與影響，以突顯本計畫在結合人工智慧技術方面的		委員三 1. 感謝委員肯定與指教，已經獨立一節於 5.6 節詳細討論。 2. 感謝委員指教，已經將研究流程圖示化，如圖 4-1。 3. 感謝委員指教，已修正。	



創新性和前瞻性。 2. 建議可將實驗流程圖示化，以便更直觀的了解整體實驗設計和操作流程。 3. 報告書中相關錯字請修正。(如 P.3 李連堯博士所「所」負責、P.61 Roth-H「辦」rer)	
委員四 1. 整體進度合理，仍續注意後續進度完成情形。 2. 整體計畫執行成果豐碩，值得肯定。	委員四 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定。
委員五 1. 進度符合期中報告查核點應完成工作項目。 2. 各章節內容豐富，且過往相關研究結果彙整簡要精闢，予以肯定。 3. 建議可再提供更詳細的模場現地照片(圖 5-1)。 4. 專案基本資料表請於定稿補上學校章。	委員五 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定。 3. 感謝委員指教，相關圖片請參考附件七。 4. 感謝委員指教，專案基本資料表於定稿時將補上學校章。



環境部環境管理署「土壤及地下水污染整治基金補助研究與模場試驗專案」

□構想書 ■申請計畫書 □期中報告

□修正計畫書 □期末報告

審查意見回覆對照表

計畫年度	112 年度	計畫類型	☐ 先導型 ☐ 研究型 ☒ 模場型
計畫類別	☐ 調查 ☒ 整治 ☐ 其他		主持人：張書奇 NO：S8
計畫名稱	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫（結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發） (第 2 年)		
審查意見		執行單位回覆	
委員一		委員一	
6. 本專案已針對技術發展成本效益詳細說明，建議後續可再與傳統整治方法進行成本比較，另模場計畫中方達科技參與情形為何?是否可由其提供傳統方法整治費用及效益分析，以協助務實評估未來商業化及規模化發展性。 7. 本案成果績效自評表中，學術面預估辦理學術會議目標達成度為 1 場研討會，並說明預計 113 年主辦台灣越南線上研討會，惟研究進度甘特圖中未見預定期程規劃。 8. 本案成果績效自評表中，產業面促成合作研究項目，備註本案已於 111 年度完成 500 仟元產學合作計畫簽訂，目前執行案件是否即為方達科技合作之產學研究，或是額外促成其他產學合作案件，其成果績效為何?是否有回饋本計畫後續執行建議。		1. 感謝委員指教。此部分將在期中與期末報告中加強說明，方達科技參與主要是提供過去中央管河川之底泥檢測資料與實際採樣經驗，而整治與技術研發部分均由本實驗團隊進行，方達科技則是參與觀摩研究發展進程與做為承接技術移轉之潛力廠商。 2. 感謝委員指教。此研討會預計於 113 年 5-6 月舉辦，已加入於甘特圖中。 3. 感謝委員指教。此產學合作是與裕山環境工程股份有限公司簽訂之現地模場試驗計畫，是以在底泥之 ISPIE/BiRD 技術為基礎所衍生之計畫，該計畫目前仍在執行中，預計 113 年 3 月 31 日結案，將來會在自評表進行說明，不會在主文中佔用篇幅說明。	
委員二		委員二	
1. 本案將整治南崁溪底泥 PBDE 污染，但 (1)P.12 化學分析卻檢驗樣品中之 PAHs 濃度 (2)P.16 預期達高效率之 HOCs 污染物回收移除。 2. 本計畫為主持人歷年相同整治技術的延續性應用，建議應於期末彙整出本技術的適用條件與關鍵參數，是否可成功克服各河口於感潮段高鹽度的干擾，與目前通用整治方法的成本效益評估等面向，以供後續應用之參考。 3. 本年度結合人工智慧與生物整治技術，如何驗證成果的有效性，應加以著墨。		1. 感謝委員指教與提醒。(1) P.12 之 PAHs 是筆誤，已更正；(2) P.16 所書本計畫第 2 年之預期效益為高效率之 HOCs 污染物之回收移除，此部分經 112 年 10 月 23 日在現地 BDE-209 高污染濃度之區域再次進行採樣，發現有與二仁溪相同之情形，已經找不到高濃度之風化 BDE-209。預計將改為進行添加之 BDE-209 之 ISPIE/BiRD。因此，該績效指標改為 HOCs 污染物之回收移除效率提升。 2. 感謝委員指教。此部分將於期末報告進行說明（詳見 5.9 節之說明與討論）。 3. 感謝委員指教。將採用 k 折交叉驗證（k-fold cross validation），詳見 4.1.6.4.3 節之 k 折交叉	



	驗證。
委員三 7. 本計畫擬以南崁溪底泥整治為研究對象，應用主持人開發之複合整治技術，整治底泥中溴苯醚類污染物。計畫使用技術包括微生物、乳化液、溫度調控等，並擬使用人工智慧分析與比對，且目標污染物去除困難，技術具有創新及難度。 8. 主持人在此領域已經耕耘多年，對於底泥整治已經累積許多經驗，對於計畫執行具有能力。 9. 本計畫場址及污染物複雜，但因團隊已經執行相關底泥處理相當久，建議在模場尺度上、以及樣品測試數量上，可以適度放大，並說明及評估代表性。 10. 過去計畫主要成果以論文及專利為主，雖已簽訂一項合作案，但參與企業在本案中並未提供配合款，建議後續應該朝向技術轉移、及增加企業之參與。 11. 計畫中有關委外訂定金額高達 176 萬，似乎過高，以本計畫規模，應該刪減。	委員三 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定。 3. 感謝委員指教。此計畫之模場試驗尺度已經較二仁溪模場試驗放大，且預計將在模場試驗期間進行持續採樣。而本計畫之樣品測試數量也已經放大，尤其是為了收集足夠之 TGS 數據進行機器學習，已經適度增加檢測樣品頻率。有關樣品取樣間隔及其代表性也已經在模場試驗部分加強說明（詳見研究方法與步驟之監測採樣分析部分）。 4. 感謝委員指教與提醒。由於目前底泥法規部分，對於進行實際整治要求要件較多，如果所測得之濃度高於下限，低於上限，應針對該項目增加檢測頻率；若是高於上限，一是應目的事業主管機關應針對該項目增加檢測頻率，並通知農業、衛生主管機關依權責檢測生物體及已上市水產品內污染物質；二是應就水體內生物體及已上市水產品依法進行相關管制與監督管理事項，並通知直轄市、縣（市）主管機關；三是得命地面水體之管理人就環境影響與健康風險、技術及經濟效益等進行評估，經中央主管機關審核認為具整治必要性及可行性者，由地面水體之管理人於擬定計畫報請中央主管機關核定後，始得實施。然而，至今未出現大型河川底泥整治市場，目前可能只有水利署在 10 年前因二仁溪底泥遭戴奧辛污染曾經進行現場過篩分類處理之整治，經費約 10 億元新台幣。目前因市場需求尚未出現，很難進行技術轉移及增加企業之參與。 5. 感謝委員指教，由於目前第三代定序仍屬台灣最先進枝定序技術，費用的確偏高，但在本團隊執行國科會計畫所得經驗，要在有限資料中得到良好機器學習結果，是非常冒險之作法，固在此計畫中，不得不進行多次採樣及定序，以得到足夠之資料量，尚請委員見諒。



委員四 5. 主持人近三年參與底泥整治模場相關試驗並已發表 SCI 期刊論文及專利發表，又近年聚焦污泥整治模場試驗與協同主持人亦有前期計畫經驗其執行團隊學術研究能力或技術發展能力佳，足以勝任本專案。 6. P.8，有關本計畫預估會有約 336 個樣品需要處理，……以及選擇較佳之樣品進行 TGS 定序，建議宜補充說明何謂較佳之樣品依據。另於 P.41 委外定序費用中說明，預定為 320 個樣品其與 336 不一致，建議宜補充說明原因。 7. 由於人工智慧機器學習在實場或模場試驗中確實存在限制因素，其中主要挑戰為無法將所有因子完全納入考量，故本計畫預計將進行至少三種不同 BDE-209/Hg 濃度比例之模場試驗組合，建議後續執行時宜注意確保實驗設計多樣性、資料收集全面性、機器學習模型適應性等因素，有助於未來達成土壤及底泥整治污染物之目標。 8. 本計畫經費耗材與主要費用為 2,300,000 編列太高，建議調降經費。 9. 本計畫改善 ISPIE/BiRD 程序，降低 20% 成本並提升 15% 處理效率，有效提高整治可行性並降低整治成本，另與具有河川底泥調查經驗之公司合作，其具有前瞻性並加速未來導入實場之應用性。	委員四 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員指教與提醒。選擇較佳樣品之依據是必須樣品濃度有差異之時間點，如果樣品濃度均相當類似，則機器學習效果會相對較差，亦即 S_0-S_t 之值不能無差別。委外定序費用應是 336 個樣品，已經更正為 330 個樣品。 3. 感謝委員指教。由於上一年度計畫中汞之濃度檢測一直未獲一致認定(桃園市環保局所擇定之檢測機構所測定之汞濃度並未超標)，且有委員認為已經離題(參見期末報告委員 4 之意見)，因此，本計畫已經將所有汞之部分移除。但後續計畫執行階段仍將注意確保實驗設計多樣性、資料收集全面性、機器學習模型適應性等因素。 4. 感謝委員指教。經費部分是底泥研究之特色，一般地下水樣品檢測均無萃取與淨化前處理步驟，故底泥有機污染物分析費用相對較高；另材料費部分，絕大部分是 TGS 定序所需費用，而且 TGS 之費用較為固定，而若無足夠 TGS 資料量，也無法進行機器學習。 5. 感謝委員肯定。
委員五 1. 研究主題符合土壤及地下水污染整治基金補助精神、探討課題新穎、技術具未來應用性且整體研究架構明確方法可行。	委員五 1. 感謝委員肯定。
委員六 1. 試驗前是否先於現地採樣確認 BDE-209 的濃度可用於模場試驗。 2. 大型玻璃管柱是否為兩端開口，其與一端(上端)開口的代表性是否有差異。 3. 消耗性器材說明建議列於備註，並依照化學品、氣體、容器等編列數量及餘額。 4. 委外定序費用視情況增減，預計有 320 件樣品。	委員六 1. 感謝委員指教。此部分已經於 112 年 10 月 23 日赴模場試驗位置再次進行底泥採樣，且已經確定極可能無法再找到如 2022 年初所採得之高濃度樣品。所以，此次試驗無法再使用風化之樣品進行，必須用添加方式進行。 2. 感謝委員指教。玻璃管柱的確為兩端開口，外部包覆 PVC 管柱不僅是保護玻璃管柱，也會確保底泥上方能夠有河水淹沒，不致與外界空氣直接接觸，可使上下方有相當差異。



	3. 感謝委員指教。消耗性器材部分已儘量加註說明，詳見計畫書之(3)耗材與主要費用部分。 4. 感謝委員指教。委外定序費用會視實際情況略有增減。
委員七 1. 計畫名稱有人工智慧機器學習，但主要是以人工智慧機器學習篩選優勢菌種及培養條件，之後大量培養菌種及適用於現場，與人工智慧較無相關。此開發之人工智慧運用上有些拘限。 2. 過去執行多年環保署底泥模場試驗計畫，雖已在計畫書中說明各計畫之差異性。112 年度計畫實驗規劃與執行方法可再詳細敘明先前測試之經驗納入新場址之運用與提升之重點。	委員七 1. 感謝委員指教。本計畫並非是以人工智慧機器學習篩選優勢菌種及培養條件，而是希望了解現地菌種在各自不同的環境條件與菌種條件下 BDE-209 污染物之降解情況，嘗試以機器學習方式找出與降解程度最有正負相關之菌種以及菌種間的交互作用，並且了解 ISPIE 對菌群造成之影響。 2. 感謝委員指教。此部分會在年度計畫中加入運用與技術提升之說明，參見研究方法與步驟第一段說明。
委員八 1. 主持人已有相關研究經驗與績效，對土水污染整治技術發展能力佳，足以勝任本專案計畫。 2. 本專案計畫著重於：底泥現地整治(分解)。本計畫的執行對國內未來底泥整治工作推動有貢獻。 3. 計畫書撰寫具體，所提出的研究方法可行。 4. 本計畫具有潛在的實務應用潛力。 5. 主持人已有相關研究經驗，本計畫書中對文獻的蒐集整理頗完整。計畫書中對國內外本研究領域現況有所了解。 6. 本計畫屬於延續性的第二年度計畫，計畫執行期限的規劃合理。 7. 專案經費編列合理性：第二年度以現地為主。委外定序的樣品數建議依實際需求(有顯著變化的情境)酌減。	委員八 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定。 3. 感謝委員肯定。 4. 感謝委員肯定。 5. 感謝委員肯定。 6. 感謝委員肯定。 7. 感謝委員指教。經費部分是底泥研究之特色，一般地下水樣品檢測均無萃取與淨化前處理步驟，故底泥有機污染物分析費用相對較高；另材料費部分，大部分是 TGS 定序所需費用，而且 TGS 之費用較為固定，而若無足夠 TGS 資料量，無法進行有效機器學習。



環境部環境管理署「土壤及地下水污染整治基金補助研究與模場試驗專案」

☐構想書 ☐申請計畫書 ☐期中報告

☐修正計畫書 ☒期末報告

審查意見回覆對照表

計畫年度	111 年度	計畫類型	☐ 先導型 ☐ 研究型 ☒ 模場型
計畫類別	☐ 調查 ☒ 整治 ☐ 其他		主持人：張書奇 NO：C9
計畫名稱	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫（結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發）（第 1 年）		
審查意見		執行單位回覆	
委員一 1. 本計畫研究成果豐碩但建議本計畫能較聚焦於 PBDE 相關成果。 2. 本計畫目前欲結合人工智慧整治技術是否成熟? 3. 建議成果部分應以執行本年度計畫為主。		委員一 1. 感謝委員指教，謹遵辦理，將大幅刪減重金屬部分。 2. 感謝委員指教，本計畫欲結合人工智慧與生物整治技術，的確難度頗高；經過綜合委員意見，第 2 年將不再執行重金屬方面之研究，將聚焦於 BDE-209 與機器學習，將經費做最有效運用，可大幅提高機器學習成功機率，應可獲得較佳結果，詳細說明請參考第 31 頁及第 5.9 節。 3. 感謝委員指教，謹遵辦理，將刪除非本年計畫相關部分。	
委員二 1. 研究成果豐富，研究內容符合原定研究需求。 2. 比較說明 107~108 應用 ISPIE/BiRD 對於多氯聯苯的整治技術可行性分析，應用於 111 年第一年執行成效的異同，建議可分析其適用條件、底泥性質、濃度範圍與去除機制。目前年度成果以自然將降為最佳，建議探討經濟與操作可行性。 3. 建議具體說明本技術開發的研究應用，建議彙整說明未來應用的適用範圍、各項參數條件與分析不確定性，後續 112 年建議提出具體工作規劃，作為評估的依據。 4. 本計畫採跨領域合作應用，然而今年因經費受限可用數據量較少，後續在以人		委員二 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員指教，適用條件、底泥性質、濃度範圍與去除機制之討論，請參考第 5.7 節最後一節。WNR 結果最佳，其經濟與操作可行性補充說明於第 5.7 節，並請參考表 5-11 與附件四。 3. 感謝委員指教，本技術開發的研究應用在於研究如何有效地在短期內將底泥中的 BDE-209 有效去除。應用之適用範圍請參考第 5.7 節，各項參數條件與分析之不確定性，此部分討論請參考第 5.9 節。 4. 感謝委員指教，此部分討論請參考第 31 頁及第 5.9 節；完整實驗設計與機器學	



工智慧機器學習的研究設計，應如何改善請提具體建議。同時如何進行人工智慧機器學習與現地實驗結果之間的合作？	習結合方式詳見 112 年度計畫書。最主要的差異在於 112 年計畫將不再研究重金屬方面及重金屬對 BDE-209 降解之影響，將聚焦於 BDE-209 降解與人工智慧之結合，可樽節支出並且收集最大量之 TGS 資料，請參考第 31 頁及第 5.9 節。
委員三 1. 本計畫有蒐集豐富文獻資料且執行進度與預定進度大致相符，計畫執行進度並無落後。 2. 本計畫後續預計投稿 6 篇期刊論文以及專利申請，請持續辦理。 3. P.43 依據檢測結果發現，底泥有汞、鋅、銅等重金屬超標之情形，其中 P.50 已說明汞超標之於菌群影響不大，惟鋅、銅超標部分，是否亦對於菌群之影響不大？請再說明。 4. P.88、89 有針對貴團隊於本專案發展技術之成本效益進行詳細說明，建議後續可再與目前通用之整治方法進行量化比較，作為後續實務應用之參考。 5. P.91 共條列 13 點結論，建議再統整簡化，並彙整本技術優勢、適用條件、及實務應用之限制，進而針對本計畫之後續執行方向及整治工程實務，有進一步具體說明。 6. P.93 貴團隊有依據本計畫執行經驗，提出後續相關執行建議，值得鼓勵。	委員三 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定，但本計畫預定完成 SCI 期刊論文 2 篇，國內期刊論文 2 篇，研討會 2 篇，專利 1 件。 3. 感謝委員指教，因為大部分委員認為重金屬不屬本計畫重點，且在批次實驗中，鋅銅濃度均遠低於下限值，故並未加以討論，今因委員垂詢，特回覆於附件三之 5。 4. 感謝委員肯定與指教，本專案之成本效益說明詳見第 5.7 節；與現行通用技術之量化比較，將於第 2 年計畫進行。 5. 感謝委員指教，謹遵辦理，本技術優勢、適用條件、及實務應用之限制補充說明於第 5.8 節；後續計畫執行方向請參考第 5.9 節；實務應用請參考第 5.7 節。 6. 感謝委員肯定。
委員四 1. 本計畫標題為 PBDEs 整治技術，然而內容都在討論 BDE-209 計畫內容並未規劃討論汞，但是實驗中多次探討汞的去除與干擾，這已經離題了。 2. 結論中第 1、2、6、7 項都不是本年度產出的結果，第 11 及 12 項幾乎完全相同。第 46 頁不同點位底泥樣品汞濃度太過	委員四 1. 感謝委員指教，原本提送構想書時，委員三之意見 1 與委員四之意見 1，另計畫書審查意見中委員三之意見 2 與委員六之意見 3，均要求對現場條件或是對重金屬之影響進行評估，故於計畫書定稿中將總汞與其他 24 種重金屬納入計畫範圍，但並未修改已經偏長之題目。



於均質不合理，且沒理由的偏高，建議將部分樣品委外檢測確定，否則若有錯誤，第 93 頁結論與建議就會太突兀。	重金屬部分在期中報告已經有部分呈現，所占篇幅比例與目前期末報告相仿。今依大多數委員意見，在期末報告之定稿本本文中將盡量刪減重金屬之篇幅（納入附件三）。 2. 感謝委員指教，結論中第 1、2、6、7 項出現在期末報告之理由如前述。第 11 與第 12 點重複為本人誤繕。汞之濃度是否太過均質之問題，依照過往對底泥中所有重金屬檢測之經驗，所有法規中規範之八種重金屬，變化最大的就是砷與汞，其 CV 值（標準差/平均值）可達 15 % 至 30%，主要原因應是此兩種重金屬均存在有機砷與有機汞之物種，故可能隨底泥有機質分布不均而有顯著差異。此計畫中所收集之樣品中汞之 CV 值為 16.0%，尚屬預期範圍內。第四次會同採樣之樣品，已經同步送合格代檢測機構進行檢測。
委員五 1. 土壤重金屬污染移除是期望將污染物轉變成無毒化物(例如礦化等)或溶出富集後依有害物質(事業廢棄物)處置，但本試驗對底泥中汞移除是透過蒸發過程(第 54 頁及第 73 頁)，汽態汞相較液態或固態汞更具有毒性，現場試驗或大型場址如何避免危害風險應補充說明。 2. P.69 提到鹽度增加會造成本試驗 BDE-209 去除效率降低，請簡易說明是否有補救措施。	委員五 1. 感謝委員指教，此部分因國立中央大學張木彬教授已經提出氣相中如何進行冷卻凝結回收汞之技術，故此處未再納入計畫中。在實際執行時，可在採樣時，先將整治區域內之底泥以大型密封式套管插入，經充分攪拌並同時抽氣之後再進行採樣，所抽出氣體可以張木彬教授之裝置進行冷凝回收。 2. 感謝委員指教，鹽度增加可能會造成本試驗之 BDE-209 去除效率降低，但不是唯一因素（請參考第 69 頁之說明），若是鹽度是造成 ISPIE 效果降低之主要因素，其主要補救之方式可分為稀釋鹽度（進行 ISPIE 之前，先以淡水進行注入稀釋鹽度）與電透析法（在底泥中插入極版先進行去除底泥中鹽類之操作後再進行 ISPIE 操作，但可能較為費時）。

**委員六**

1. 期末報告 5.2.2 節提及汞之批次實驗成果，其中 BK(背景組)汞之去除率高達 46.9%(第 53 頁表 5-7)，優於其他試驗組，建請說明其原由。
2. 依據期末報告 5.6.1 節及 5.6.2 節，執行團隊以三氯乙烯之 90 筆資料進行人工智慧機器學習測試，可找出具最佳降解效率之菌群組合，然以本計畫批次試驗數據進行可行性測試，因檢測資料筆數偏少，無適合模型可提供機器學習，建請具體說明其解決方法及因應對策。
3. 執行團隊研究 ISPIE/BiRD 整治技術多年，亦曾於二仁溪現場進行試驗，研究成果豐碩。針對前述人工智慧機器學習測試檢測資料筆數偏少問題，建議評估是否可應用於人工智慧分析與比對。

委員六

1. 感謝委員指教，此處 BK 是空白組，依照常理而言，汞之去除率應該是最低的，但是這裡顯示 BK 仍有汞之去除，其可能原因是可能經由非生物途徑（abiotic processes）還原二價汞，如非生物之還原反應、擴散、蒸發散失等，詳見附件三之 7 之說明。由於 BK 樣品中有 1.0%有機質，故較可能是經由與有機質共同進行還原反應所致。
2. 感謝委員指教，此意見與委員一之意見相仿，討論說明請參考第 31 頁及第 5.9 節。最主要的差異在於 112 年計畫將不再研究重金屬方面及其對 BDE-209 降解之影響，將聚焦於 BDE-209 降解與人工智慧之結合，可樽節支出並且收集最大量之 TGS 資料。
3. 感謝委員指教，討論說明與評估請參考第 31 頁及第 5.9 節，基本結論是仍屬可行，一是增加資料集數量，一是在無法由模式自選特徵值之情況下，由人工輔助指引。完整之實驗設計與機器學習結合方式詳見 112 年度計畫書。



環境部環境管理署「土壤及地下水污染整治基金補助研究與模場試驗專案」

□構想書 □申請計畫書 ■期中報告
□修正計畫書 □期末報告 審查意見回覆對照表

計畫年度	111 年度	計畫類型	□先導型 □研究型 ■模場型
計畫類別	□調查 ■整治 □其他	主持人：張書奇	NO：C9
計畫名稱	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫(結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發) (第 1 年)		
審查意見		執行單位回覆	
委員一 1. 本計畫執行研究成果級進度皆符合預期，值得肯定。		委員一 1. 感謝委員肯定。	
委員二 1. 請以預定進度及查核點說明期中報告達成狀況。 2. 建議系統性說明研究設計與執行流程，本計劃採跨領域合作應用，然而在以人工智慧機器學習的研究設計，均未說明請補充。 3. 初步結果與討論建議應有系統性撰寫，以確認是否符合期中預定進度應 4. 請提出後續規劃如何進行人工智慧機器學習與現地實驗結果之間的合作，如何執行工作並分析成效？		委員二 1. 感謝委員指教，已經說明於原期中報告第 41 頁，本期末報告進度與查核點說明，請參閱第 40-41 頁。 2. 感謝委員指教，人工智慧部分機器學習之研究設計部分已經補強說明於第四章之施行方法中請參閱第 38-39 頁以及 5.6 節。 3. 感謝委員指教，初步結果與討論係依據計畫甘特圖工作項目逐一說明，由於當時尚無 TGS 資料，尚無法進行，並無結果產出，故未說明。期末報告已經說明於第 5-3 節。 4. 以第一年施行經驗以及嘗試原國立中興大學 Enable Center 計畫所產出之資料之機器學習結果，可知目前因為囿於經費無法產出更多資料集，以致第 1 年機器學習受阻，第 2 年部分將審酌經費情況以優先獲得 TGS 資料為主要目標，以獲得足夠資料量，才能有效進行機器學習。機器學習之補充說明請參閱第四章之機器學習施行步驟部分（第 38-39 頁）。	



委員三 1. P.7 第三段第 11 行略以，(按：河涌包括底泥)，請確認是否有缺字。 2. P.20 其中 3.2.2 節第二段略以，「...已經獲得 I65808、I684575、I718759”集”I1769091 等 4 項」，誤繕請修正。 3. P.21 「3.4.1 國內有關 PBDEs 之研究...」，標題編號誤繕，請修正為 3.3.1。 4. P.22 第四行略以，(，平均濃度超過...)，括號中多一個逗號，請修正。 5. P.24 標題編號誤繕，請修正為 3.3.2。 6. P.42 請確認甘特圖工作項目與預訂查核點之各項目、編號是否一致。 7. P.43 第 5.1 章略以，「故未採計”期”檢測結果」，誤繕請修正。 8. P.45 第 5.1.3 章第 7 行略以，「為目前”體”泥品質指標上限」，誤繕請修正。 9. P.51 第 5.4 章略以，「已經是試驗過之污染物相關物理化學特性列表如表 5-10...」，其中多鍵入”是”字，且表格編號應為表 5-5，請修正。 10. P.51 圖 5-7 批次實驗之無機汞(a)與有機汞(b)，其中(b)圖是中縱軸顯示為無機汞，請修正。	委員三 1. 「(按：河涌包括底泥)」並無缺字，河涌(通常是粵語發音)，是指江河在入海口的河汊。依中國大陸之定義:河涌是鹹淡水交界，水流感潮。漲潮時，海水倒灌入涌；退潮時，河水經河涌流進海。一般而言，河涌整治包括水質、底泥與生態。 2. 感謝委員指教，謹遵指示修正。 3. 感謝委員指教，謹遵指示修正。 4. 感謝委員指教，謹遵指示修正。 5. 感謝委員指教，謹遵指示修正。 6. 感謝委員指教，謹遵指示修正。 7. 感謝委員指教，謹遵指示修正。 8. 感謝委員指教，謹遵指示修正。 9. 感謝委員指教，謹遵指示修正。 10. 感謝委員指教，謹遵指示修正。
委員四 1. 已完成期中以前應執行工作。 2. 初步結論已呈現具體之有效條件，另發現底泥中汞嚴重超標，除會影響本研究成果並有高度環境風險，值得環保署特別重視。	委員四 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定，已經會同土基會相關管理人員追蹤處理中。



委員五

1. P.47 頁表 5-2 列有 24 種重金屬的定量數據，其中汞的分析濃度在 30.32~51.16mg/kg 超過底泥上限標準甚多，而分析程序若如 P38 頁 4.1.6.2.3 所描述的方法，請再討論以下問題。
 - 1.1 定量所須的 QA/QC 是否完整，例如是否有製作 24 種重金屬的檢量線。
 - 1.2 報告所提 NIEA M353.01C 經查現已廢除由 02C 取代，NIEA W311.52C 已由 54C 取代。另外對於汞分析使用 NIEA M353 及 W311 等方法是否適用，請再檢視原文件後加以討論與確認。
 - 1.3 表 5-2 請標示單位，其他圖表請一同檢視。
2. P.48 頁圖 5-4 之汞污染濃度等高線圖，彩虹橋至大排間繪有 55~25 等高線，但觀察表 5-3 之第 3 次採樣 10 個樣品汞濃度分布僅有 2 個超過 20 mg/kg。請再討論圖表兩者關聯性與合理性。
3. P.53 頁第 5.5 節應加強「鹽析」作用對「水包油」或「油包水」的討論，以利感潮底泥現況的討論。
4. 附錄三之品保品管作業程序底泥採樣方法已修訂為 32B。
5. 多溴二苯醚本是有機化物，依物化特性會存在(或吸附)單位重量中有機質含量高的地方，建議宜克服此問題使本計畫更具應用性。

委員五

1. 感謝委員指教，說明如下。
 - 1.1. 所有重金屬檢測均有建立檢量線。
 - 1.2. 感謝委員指教，謹遵指示修正，已經檢視最新版檢測方法文件，目前最新版之 NIEA W311.54C 可涵蓋 32 種金屬元素之檢測，本計畫所檢測之 25 種元素均在內，應可適用。NIEA W311.54C 之消化方法適用於汞以外之金屬與汞之消化是修改 NIEA M317.04B 之方法進行，詳見第 5.1.3 節討論。
 - 1.3. 感謝委員指教，謹遵指示修正。
2. 感謝委員指教。由於該兩點濃度分別為點位 1 之 43.8 mg/kg 及點位 2 之 89.7 mg/kg，且相隔約 30 公尺，再往西南方向遞減，所以 SURFER 繪圖軟體進行 Kriging 計算繪圖，會產生此情況，應尚屬合理。
3. 感謝委員指教。有關鹽析部分已在管柱實驗 ISPIE 操作結果部分加強討論，詳見 5.4.1 節。
4. 感謝委員指教，謹遵指示修正。
5. 感謝委員指教，誠如委員所言，PBDEs 同源物中，以 BDE-209 之 Log K_{ow} 最高，底泥中有機質高低有相當高之相互關係 (correlation)。且可能受到鹽度影響，目前以 ISPIE 之方式回收量有限，的確需要設法克服，解決方法可考慮以成熟之底泥有機質掃描方式先對高污染潛勢區域進行掃描，將高有機質部分於 ISPIE 操作前與現地低有機質進行攪拌後再進行，有利於後續整治步驟順利進行（例如將 3.0% 與 0.5% 混合，得到約 1.0% 有機質之底泥）。



委員六

1. 本計畫期中報告第 15~16 頁提及研究之目標污染物除十溴二苯醚 (BDE-209)、重金屬外，另考量多環芳香烴類化合物 (PAHs) 中的苯駢芘 (BaP) 毒性及致癌性高，亦納入本研究之目標污染物，建請提供前述污染物之底泥採樣點位、深度及數據等相關資料予本會作為研擬底泥品質管理參考。
2. 本計畫擇定南崁溪彩虹橋東南側為試驗場址，該區域鄰近出海口明顯受潮汐影響，建議評估鹽度變化對底泥十溴二苯醚 (BDE-209) 及重金屬生物降解之影響。
3. 本計畫期中報告 5.2 節批次實驗中 BDE-209 及汞分別有 11 組別，建請補充說明各組別測試條件及代表意義。
4. 本計畫期中報告第 51 頁提及再次進行現地相反轉乳化之管柱中污染物回收實驗，且本次試驗風化組可回收去除 $16.5 \pm 5.4\%$ 的 BDE-209，添加組則可回收去除 $44.3 \pm 1.0\%$ 的 BDE-209，兩者具明顯差異，建請說明其原因。
5. 本計畫期中報告第 59 頁提及南崁溪底泥有機質含量偏高，不利風化有機污染物之脫附，可能對生物降解速率造成不良之影響，建請說明解決方式？

委員六

1. 感謝委員指教，多環芳香烴類化合物 (PAHs) 中的苯駢芘 (BaP) 在原計畫書中並未納入，此部分是撰寫時以去年期末報告為底稿進行撰寫，未予修正，且校對時未發現，敬請委員見諒。
2. 感謝委員指教，若就二仁溪場址離海較遠(約 2,000 公尺)以及南崁溪場址離出海口較近(約 500 公尺)進行比較，鹽度對 BDE-209 降解似乎有一定負面影響，但是因菌種不同且重金屬污染程度不同，不宜遽下定論。本研究未針對不同鹽度進行測試，無法得出肯定之結論。對重金屬氧化還原也基於以上原因，無法有效探討。
3. 感謝委員指教，已經於第 5.2.1 節加強說明。
4. 感謝委員指教，此結果與過往件完全相反，故必須進行第 2 次之 ISPIE 測試，其結果與討論詳見第 5.4.1 節。
5. 感謝委員指教，此次送驗之底泥為 D 點位之底泥，且採樣時間是在 7 月份，該處底泥長出許多耐高鹽度之水棲雜草，有可能造成有機質測值偏高。第 2 年計畫進行時針對實際模場試驗之底泥進行有機質測定。解決方法可考慮以成熟之底泥有機質掃描方式先對高污染潛勢區域進行掃描，將高有機質部分在 ISPIE 操作前與現地低有機質進行攪拌後再進行，有利於後續整治步驟順利進行（例如將 3.0% 與 0.5% 混合，得到約 1.0% 有機質之底泥）。



環境部環境管理署「土壤及地下水污染整治基金補助研究與模場試驗專案」

☒申請計畫書

☐期中報告

☐修正計畫書

☐期末報告

審查意見回覆對照表

計畫年度	111 年度	計畫類型	☐ 先導型 ☐ 研究型 ☒ 模場型
計畫類別	☐ 調查 ☒ 整治 ☐ 其他	主持人：張書奇 NO：SA3	
計畫名稱	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫(結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發)(第2年)		
審查意見		執行單位回覆	
委員一 1. 南崁溪污染嚴重，值得持續進行研究。 2. 污泥整治研究經驗豐富。		委員一 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定。	
委員二 1. 本計畫主題、尤其是實場、底泥類別研究，國內研究學者少，主持人在此領域研究經驗豐富。 2. 開發之技術具實場應用可能性。 3. 計畫已邀請顧問公司團隊加入，建議後續開發技術可以思考技術轉移可行性。		委員二 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員肯定。 3. 感謝委員肯定，本計畫所研發技術在市場商機出現後（目前法規尚未積極要求整治），會盡快進行技術移轉。	
委員三 1. 本計畫針對不同污染物以人工智慧與宏觀基因體統計分析，進行智慧型底泥污染整治技術研發，進一步探討IPSIE/BiRD於不同環境因子及場址，進行菌群整治技術及模場試驗參數優化，有助於提升我國未來溴二苯醚及汞污染底泥技術之發展。 2. 有關專案可行性、新穎性及未來性，建議宜補充IPSIE/BiRD技術之使用限制因素為何，以及於不同場址條件下是否可順利使用該技術進行整治作業，以利相關單位參考。		委員三 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員指教，將於期中報告提出相關限制因素及可適用場址之說明。	
委員四 1. 研究主題符合土壤及地下水污染整治基金補助精神、探討課題新穎、技術具未來應用性且整體研究架構明確方法可行。		委員四 1. 感謝委員肯定。	



委員五 1. 計畫執行產出在學術面與產業面皆有重大成果規劃。	委員五 1. 感謝委員肯定。
委員六 1. 現地條件對於相反轉乳化機制的影響可進一步評估。 2. 地下水污染整治人工智慧專家系統開發應可進行大數據的分析。 3. 底泥中重金屬對於底泥中微生物之降解能力應有影響。建議評估不同重金屬對降解能力的影響。	委員六 1. 感謝委員指教，現地條件對於相反轉乳化機制確有影響，將在期中報告說明。 2. 感謝委員指教，地下水污染整治人工智慧專家系統開發與大數據的分析確實為目前應快速發展之學術及應用領域，本計畫主持人於 1993-1994 年在美國密西根大學之研究題目即為 Bioremediation Adviser – a knowledge-based expert system；去年也獲得國立中興大學前瞻理工科技研究中心補助進行「以人工智慧及宏觀基因體學解析微生物群系再造之高效率生物整治」計畫，已達成在 3.0 天內可將 11.8 mg/L 之三氯乙烯完全降解為乙烯（已完成 SCI 期刊投稿），刻正針對 90 組第三代 16S rRNA 基因定序資料與相關實驗條件進行人工智慧解析中；另也於科技部補助下完成戴奧辛之生物降解批次研究，可在 84 天內去除毒性當量濃度達 69.6%，目前也已經完成 90 組第三代 16S rRNA 基因定序，也將進行人工智慧解析。目前也極力提倡與建議土基會將過去研究資料進行整合與資料品質檢視，即可進行大數據相關研究，也建議建立計畫申請相關規範以提高數據品質。預期未來 5 年為國際間相關發展之關鍵期，我國土水整治相關專家宜建立團隊進行突破性研究。 3. 感謝委員指教，底泥中重金屬對於底泥中微生物之降解能力確有影響，將於期中報告中增加文獻回顧與評析並評估不同重金屬對 BED-209 生物降解之可



	能影響。
委員七 1. 本計畫對於有關結合人工智慧機器學習知識驗方法，實施步驟，以及驗證方式，並未多加說明，宜列入作執行內容之中。	委員七 1. 感謝委員指教，有關結合人工智慧機器學習之實施步驟與驗證方法已經於計畫有概略說明（實驗室批次實驗部分為模式建立，現地之模場試驗相關資料將作為驗證之用），詳細說明於期中報告中加強說明並列入執行方法中。
委員八 下列意見請確認，並於計畫書修正稿中修正： 1. 請補充模場同意函、場址基本資料及確核表。 2. 基本資料表與 P.32 第二年申請經費金額不一致。 3. P.41~42 耗材費用：人工智慧相關費用多為電腦周邊設備，非屬耗材，建議以年度攤提或租賃編列。另碳粉匣請編列於雜項費用。 4. P.44 雜項費用：成果發表僅補助本署成果展，其餘不予補助。其他項目文具紙張列印耗材等重複編列，過路費應編列於其他費用項目(非雜項)。"	委員八 1. 感謝委員指教，模場同意函、場址基本資料及確核表已經補充於附件中。 2. 感謝委員指教，已修正。 3. 感謝委員指教，人工智慧相關費用非屬耗材部分已刪除，建議以年度攤提或租賃編列，碳粉匣費用已改列於雜項費用。 4. 感謝委員指教，雜項費用項下成果發表僅請環保署成果展費用。其他項目文具紙張列印耗材等重複編列部分已刪除，過路費已刪除。



環境部環境管理署「土壤及地下水污染整治基金補助研究與模場試驗專案」

☒構想書 ☐申請計畫書 ☐期中報告
☐修正計畫書 ☐期末報告

審查意見回覆對照表

計畫年度	111 年度	計畫類型	☐ 先導型 ☐ 研究型 ☒ 模場型
計畫類別	☐ 調查 ☒ 整治 ☐ 其他		主持人：張書奇 NO：SA3
計畫名稱	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫(結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發)(第 1 年)		
審查意見		執行單位回覆	
委員一 1.具可行性。 2.現場參數變異性應有管控規劃。		委員一 1. 感謝委員肯定。 2. 現場參數變異性之控管對於本計畫目標污染物 PBDEs 及有機汞非常重要，因為這些污染物在現場底泥中之分布會受到底泥中有機物分布不均勻之影響，針對此部分之作法則是在單一實驗區域（至少三種不同 BDE-209/Hg 比例）進行緩速攪拌（避免揮發）達到均勻化並且避免曝氣，但是個別區域之比例不同將會予以維持，以增加深度機器學習之資料廣度。	
委員二 1.若能瞭解底泥成份中汞或其他重金屬的來源，則由污染源管理會更有效。		委員二 1. 感謝委員指教，本計畫著重於整治技術研發，污染物來源追查恐非本計畫所能達成，但相關資料可提供環保署北區環境督察大隊進行後續追蹤調查。	
委員三 1.本計畫結合大數據、生物處理技術，處理多溴二苯醚及汞污染底泥，在台灣研究者少，主持人過去已累積相當多的經驗，研究題目新穎。 2.建議後續應邀請顧問公司團隊加入，以使技術實場化應用。		委員三 1. 感謝委員肯定。 2. 感謝委員指教，本計畫已經邀請具有 8 年中央管河川底泥調查經驗之方達科技股份有限公司參與研究(如計畫書附件一)，希望能夠加速未來實場應用。	
委員四 1.有關計畫以微生物降解底泥中之 PBDEs，本團隊採用抗汞細菌作為研究對象，建議一併將實場之微生物特性納入考量依據，確認該菌種對現場菌群之影響及交互作用，以利		委員四 1. 感謝委員指教，本計畫的確會採用實場之微生物進行生物降解研究，微生物之特性將藉由功能性基因定量與第三代基因定序技術探討個別菌種對現場菌群之影響及相互間交互	



計畫之執行。	作用。
委員五 1.研究主題符合土壤及地下水污染整治基金補助精神、探討課題新穎、技術具未來應用性且整體研究架構明確方法可行。	委員五 1. 感謝委員肯定。
委員六 1.具前瞻性，專利申請後的移轉機會，是否有業者可承接。	委員六 1. 感謝委員肯定與指教，本計畫已經邀請具有8年中央管河川底泥調查經驗之方達科技股份有限公司參與研究，希望能夠加速未來實場應用及提高技術移轉機會。
委員七 1.請補充說明人工智慧機器學習於實場或模場試驗之限制因素及條件？未來如何能在不同之底泥環境條件下，進行或協助操作及決策參考。	委員七 1. 感謝委員指教，人工智慧機器學習於實場或模場試驗之限制因素為即使已經檢測 25 種金屬濃度（總濃度，未區分價態）、物理化學參數（如 pH 值、氧化還原電位、電度、溫度、溶氧、硫酸鹽、硝酸鹽、氯鹽等）、污染物 BDE-209 濃度，但是仍不可能將所有因子完全納入考量，機器學習是在以量測資料範疇中進行學習，其他未量測之未知範疇未納入考慮是最大限制。因此在已知範圍內即使找到最佳條件，無法 100%確定在現地模場試驗是否可以完全重複實驗室中機器學習成果；雖然就學理而言，應該已經掌握主要因子，但仍需視研究結果才能確定。即使現地試驗產生不同結果，也可修正深度機器學習之模式。為求在不同之底泥環境條件下能夠協助操作及決策參考，本計畫預計將進行至少三種不同 BDE-209/Hg 濃度比例之模場試驗組合並且針對結果進行深度機器學習，有別於以往僅有單一濃度比例之作法，以增加深度機器學習之資料廣度，達到更佳之學習成果，應可有效提高預測準度並有助於未來決策參考。



(空白頁)



研究成果中文摘要

工業發達國家之底泥污染情況相當普遍，河川下游之底泥與河口附近海水底泥均已遭受嚴重污染，其中尤以疏水性有機物及重金屬污染最為嚴重，而台灣之底泥污染物檢測濃度在全世界相關文獻報導中屢屢名列前茅。如台南安順場址海水池底泥中戴奧辛之污染、南崁溪底泥中之多溴二苯醚污染。這些污染也可藉由食物鏈破壞生態系及影響人體健康，急需發展經濟有效之整治技術。本研究團隊於 107-108 年度計畫以相反轉技術結合微生物篩選及降解技術 (ISPIE/BiRD) 進行底泥整治之現地模場試驗及土壤污染整治之砂箱試驗，不僅對於已經風化之多氯聯苯污染物 Aroclor 1254 與六氯苯可達 98.0% 以上去除率，且對土壤中 DDT 可達到 99.9% 以上之去除率，Lindane 可達 92.2% 以上之去除率。為進一步優化此技術並結合人工智慧之深度機器學習技術，針對底泥中多溴二苯醚污染整治技術進行 2 年期之技術研發計畫，本年度為第 2 年計畫。第 1 年計畫之預先採樣已確認南崁溪底泥中有高濃度之 BDE-209 之污染，且批次實驗與管柱實驗均確認 ISPIE/BiRD 之技術可行性且確認 pH 值與有機質為主要控制因子。本計畫為第 2 年計畫，是以現地模場試驗驗證第 1 年計畫成果並且針對第三代基因定序分析結果進行機器學習以建立完善之 ISPIE/BiRD 底泥整治之預估模式與關鍵微生物指標。本計畫至目前已經完成底泥採樣與微生物馴養、ISPIE 操作、BiRD 連續監測、台越線上研討會、機器學習等工作項目。最終結果顯示：ISPIE 操作部分風化組中最佳為 FL (添加組下層)，次佳為 FU (添加組上層)，其次為 WL (風化組下層)，最差者為 WU (風化組下層)。將 ISPIE 與 BiRD 兩階段脂去除率合併計算，最佳之總移除率可達 84%。風化組中以 WNR-L 最佳 ($k = 0.0103 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 67 \text{ d}$)，WBS-L 次佳 ($k = 0.0032 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 218 \text{ d}$)；添加組也以 FNR-L 最佳 ($k = 0.0162 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 43 \text{ d}$)，FBS-L 次佳 ($k = 0.0157 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 44 \text{ d}$)，目標污染物之移除率已經優於第 1 年計畫之批次實驗與管柱實驗成果。原本之適合風化污染物生物還原脫溴之菌群可能也有助於汞之去甲基化。TGS 資料分析顯示有進行 ISPIE 技術之組別可觀察到 *Clostridium* 屬豐度提升，而 *Clostridium* 豐度之提升對於厭氧還原脫溴效果有正相關，Alpha 多樣性分析顯示降解能力佳之組別似乎有 Shannon index 與 observed feature (ASVs 數) 均偏低之情況。TGS 資料機器學習研究結果顯示 LASSO 最為適合本計畫資料之機器學習模式，其交叉驗證階段之 MSE、RMSE 及 R^2 分別可達 0.0019、0.0435 與 1.0000。本計畫施行符合預定進度，各項查核點已如期完成。

關鍵詞：底泥整治、南崁溪、模場試驗、相反轉法、多溴二苯醚、機器學習



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



研究成果英文摘要

Sediment pollution in industrially developed countries is quite common. Hydrophobic organic compounds have severely contaminated the sediment in the lower reaches of rivers and the estuarine. In Taiwan, the detection concentration of sediment pollutants has been repeatedly ranked among the top in relevant literature reports worldwide. For example, there is dioxin pollution in the bottom mud of the seawater pool at the Anshun site in Tainan and polybrominated diphenyl ether pollution in the sediment of the Nankan River. These pollutions can also damage the ecosystem and affect human health through the food chain, and there is an urgent need to develop cost-effective remediation technologies. From 2018 to 2019, our research team developed in situ phase inversion emulsification and biological reductive dehalogenation (ISPIE/BiRD) to remediate contaminated sediment and soil. We achieved a removal rate of more than 98.0% on Aroclor 1254 and hexachlorobenzene in sediment, more than 99.9% on DDT, and 92.2% on Lindane in soil. To optimize this technology further and combine it with deep machine learning technology, a two-year technology research and development plan is being carried out to treat polybrominated diphenyl ether pollution in sediments. This year is the second year of the plan. The pre-sampling planned in the first year has confirmed that there is a high concentration of BDE-209 contamination in the sediment of Nan-Kan River, and both batch experiments and column experiments have confirmed the technical feasibility of ISPIE/BiRD and confirmed that the pH value and organic matter are main control factors. This project is the second year of the two-year program. We conducted a field pilot study to verify the project's first-year results. We applied machine learning to the third-generation sequencing (TGS) results to establish complete ISPIE/BiRD sediment remediation patterns and key microbial indicators. This project has so far completed sediment sampling, microbial domestication, ISPIE operation, BiRD monitoring, Taiwan-Vietnam webinar, and machine learning. The final results show that in the ISPIE operation, in the weathered group, the best is WNR-L, and the second best is WNR-U; in the fresh-added group, the best is FBS-U, and the second best is FBS-L. Combining the two-stage fat removal rates of ISPIE and BiRD, the best total removal rate can reach 84%. In the weathering group, WNR-L was the best ($k = 0.0103 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 67 \text{ d}$), and WBS-L was the second best ($k = 0.0032 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 218 \text{ d}$). For the fresh-added group, FNR-L is the best ($k = 0.0162 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 43 \text{ d}$), and FBS-L is the second best ($k = 0.0157 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 44 \text{ d}$). The target contaminant removal rate is better



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

than the results of batch experiments and column experiments conducted in the first year. The bacterial flora originally suitable for the bioreductive debromination of weathered pollutants may also contribute to the demethylation of mercury. TGS data analysis shows that an increase in the abundance of *Clostridium* can be observed in the group with ISPIE technology, and the rise in *Clostridium* abundance is positively correlated with the effect of anaerobic reductive debromination. Alpha diversity analysis shows that the group with good degradation ability has a lower Shannon index, and the observed feature (number of ASVs) is lower, too. The machine learning results on TGS data showed that LASSO is the most suitable model for this project's data. In the cross-validation stage, its MSE, RMSE, and R^2 can reach 0.0019, 0.0435, and 1.0000, respectively. The implementation of this project is in line with the scheduled progress, and all checkpoints have been completed as planned.

Keywords: Sediment remediation; Nan-Kan River; Pilot study; Phase inversion emulsification ; Polybromodiphenyl ethers; Machine learning.



目 次

報告大綱 1

第 1 章. 前言	3
第 2 章. 研究目的	7
第 3 章. 文獻探討	9
3.1. 文獻回顧與探討	9
3.2. 模場試驗背景說明	16
3.3. 國內外有關本計畫之文獻	19
3.4. 目標及內容	29
第 4 章. 研究方法與過程	31
4.1. 研究方法及其原因	31
4.2. 工作進度與甘特圖	41
第 5 章. 結果與討論	43
5.1. 底泥採樣與菌群馴養	43
5.2. ISPIE 操作	44
5.3. BiRD 監測結果討論	45
5.4. TGS 分析數據討論	49
5.5. ALPHA 多樣性	62
5.6. 人工智慧機器學習結果討論	64
5.6.1 機器學習結果	64
5.6.2 菌種重要性與相關性探討	67
5.6.3 TGS 資料機器學習在土水整治之擴大應用	71
5.7. 台越研討會與技術說明會說明	72
5.8. 實務應用的適用情境及限制	77
5.9. 現地條件對於相反轉乳化機制之影響	78
5.10. 重金屬對於 BiRD 之影響	80
5.11. 本技術之成本效益分析與說明	80
5.12. 結論	82
5.13. 主要建議意見及未來或後續執行建議	83



圖 次

圖 1-1 ISPIE/BiRD 技術示意圖(Chang et al., 2019a)	4
圖 1-2 河川底泥之組成(Mulligan et al., 2010).....	5
圖 3-1 多溴二苯醚 (PBDEs) 結構式之通式 ($x+y=1\sim 10$)	10
圖 3-2 年度河川底泥 PBDEs 同源物濃度分佈圖(田倩蓉, 2008)	14
圖 3-3 本實驗室所製備之奈米乳化液之粒徑量測結果 (張書奇實驗室提供)	15
圖 3-4 溴化鈉 (a) 與奈米乳化液 (b) 傳輸實驗結果 (張書奇實驗室提供)	15
圖 3-5 桃園台地群相關位置(a)與區域地質圖(b) (中央地調所, 2000).....	17
圖 3-6 近五年南崁溪污染趨勢圖：大檜溪橋 (a)、南崁溪橋(b)及竹圍大橋測站(c)	17
圖 3-7 南崁溪流域與模場試驗預定場址 (摘錄自 Google.com 並加以標示)	18
圖 3-8 底泥中 BDE-209 濃度等高線圖	18
圖 3-9 歷年總 PBDEs 檢測結果(a)與同源物之成份百分比比較(b)(Hites, 2004).....	24
圖 3-10 PBDEs 厭氧生物降解之路徑，灰色網底者為實驗起始基質	26
圖 3-11 PBDEs (a)及 BDE (b)在好氧條件下生物降解之路徑	26
圖 3-12 國外目前所使用之底泥整治工法 (Adriaens, et al., 2006)	28
圖 4-1 第 2 年計畫之研究流程	32
圖 4-2 CCS read 產出示意圖(Unknown, 2022).....	38
圖 4-3 甘特圖	42
圖 5-1 112 年 10 月於南崁溪進行底泥採樣	43
圖 5-2 模場試驗之風化與添加組進行 ISPIE 前後之 C/C_0	44
圖 5-3 管柱試驗之 ISPIE 前後之底泥中 BDE-209 濃度差異	45
圖 5-4 模場試驗之水質參數監測	46
圖 5-5 全部 16 組樣品在 BiRD 階段生物降解濃度變化	47
圖 5-6 模場試驗風化之 BDE-209(a)與添加之 BDE-209(b)不同深度降解情形	48
圖 5-7 模場試驗之風化之 BDE-209(a) 與添加之 BDE-209(b)不同組別降解情形	49
圖 5-8 模場試驗之不同組別上下層降解差異比較	49
圖 5-9 模場試驗風化組 TGS 之 TOP 10 菌種相對豐度柱狀圖	50
圖 5-10 模場試驗添加組 TGS 之 TOP 10 菌種相對豐度柱狀圖	51
圖 5-11 模場試驗風化組 TGS 之 TOP 35 菌種豐度聚類熱圖	58
圖 5-12 模場試驗添加組 TGS 之 TOP 35 菌種豐度聚類熱圖	59
圖 5-13 風化組各組別之 Shannon index	63
圖 5-14 風化組各組別之 observed features	63
圖 5-15 添加組各組別之 Shannon index	63
圖 5-16 添加組各組別之 observed features	64
圖 5-17 LASSO 模式於所有資料(a)、風化組(b)與添加組(c)於測試、訓練與驗證階段之 預測值與實測值之差異	66
圖 5-18 XGBoost 模式於所有資料(a)、風化組(b)與添加組(c)於測試、訓練與驗證階段之 預測值與實測值之差異	66



目次、圖次與表次

圖 5-19 LASSO 之 ASVs 數目與預測之累積 R^2 圖	67
圖 5-20 風化組樣品之功能預測圖	73
圖 5-21 添加組樣品之功能預測圖	74
圖 5-22 113 年 6 月 14 日 VNTW2024(a)與 21 技術說明會(b)宣傳海報	75



表 次

表 3-1 市售之多溴二苯醚 (PBDEs) 成分(Darnerud et al., 2001)	9
表 3-2 PBDEs 之物理化學特性.....	11
表 3-3 底泥中總 PBDEs (無 BDE-209) 與 BDE-209 濃度分布 (單位: $\mu\text{g/kg}$)	12
表 3-4 依據逸度模式 Fugacity modeling Level III 之模擬結果	13
表 3-5 特定氯化有機物之物理化學特性(Kwon et al., 2006)	14
表 3-6 台灣西海岸 PBDEs 之環境宿命推估結果.....	21
表 3-7 世界各地之底泥中 PBDEs 同源物分布情形.....	24
表 3-8 目前國際間使用之底泥整治方法在台灣之適用性評價	28
表 4-1 模場試驗組別	35
表 5-1 各樣品組之一階降解速率常數與半生期	48
表 5-2 所有資料之學習結果	65
表 5-3 風化組資料之學習結果	65
表 5-4 添加組資料之學習結果	65
表 5-5 LASSO 在三種不同資料集學習下之前 20 名菌種.....	68
表 5-6 VNTW2024 議程	76
表 5-7 典型持久性有機污染物之物理化學特性	77
表 5-8 大量乳化液製作成本估算	80
表 5-9 每 m^2 單次操作成本估算	81
表 5-10 本技術之效益估算	81
表 5-11 立即可行建議意見及未來或後續執行建議.....	83
表 5-12 中長程建議意見及未來或後續執行建議	84



附件次

附件一	本計畫獲得用地許可公文
附件二	發明專利及 SCI 期刊
附件三	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫復舊作業程序
附件四	南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫之品保品管作業程序
附件五	ISPIE/BiRD 技術之標準作業程序
附件六	檢測原始資料
附件七	模場試驗採樣操作日期與照片
附件八	機器學習後之 Top 250 ASVs 及其菌種
附件九	BDE-209 降解菌種
附件十	本研究團隊歷年研發之技術差異說明
附件十一	不同污染物之解決方案及其相關事項
附件十二	本技術與以往技術之差異說明
附件十三	本專案衍生技術專利延續辦理情形
附件十四	機器學習說明



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



報告大綱

本報告為執行環境部環境管理署「112 年度土壤及地下水污染整治基金補助研究與模場試驗專案」所補助「南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫（結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發）（第 2 年）」之期末成果報告，本報告分為計畫成果摘要與計畫報告本文兩大部分。計畫報告本文下分五章說明，即前言、研究目的、文獻探討、研究方法與過程、結果與討論；於第五章之後為參考文獻與附件；專案成果績效自評表置於專案基本資料表之後。



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



第1章. 前言

章節摘要：本章主要針對計畫之背景進行說明，共分為河川底泥重要性、研發技術原因、計畫主要方法與計畫經費期程進行簡要說明。

有鑑於台灣土水整治市場漸趨飽和，地下水整治相關技術日趨成熟，未來國際土水市場可能以底泥整治技術為重點研發領域，且底泥整治技術具有較高之跨環境介質與跨污染物應用潛力，故本實驗室致力於底泥之複合型整治技術研發，針對本計畫已經邀請李連堯博士所負責之方達科技股份有限公司參與此計畫，該公司自 103 年開始連續執行水利署底泥檢測計畫已有 10 年，參與本計畫並簽有協議書（如計畫書之附件一）。本實驗室目前已經完成整合現地相反轉及生物還原脫鹵（*in situ* phase inversion emulsification and biological reductive dehalogenation, ISPIE/BiRD）技術之初步研發並完成實驗室研究成果發表(Chang et al., 2019a) 與現地模場試驗成果之 SCI 期刊發表 (Chang et al., 2019b)，及其衍生技術成果發表 SCI 期刊論文(Chan et al., 2021; Chang et al., 2021; Cheng et al., 2023; Li and Chang, 2022)，共有 6 篇之多，同時因而獲得 5 項中華民國發明專利(張書奇 and 王傳牧, 2021; 張書奇 et al., 2019; 張書奇 et al., 2022; 張書奇 et al., 2020)。本研究團隊於 104 至 110 年度陸續完成磁性活性碳、污染底泥玻璃化（已獲得專利）、改良式凝膠分離法（已獲得專利）、現地相反轉結合生物分解法（已獲得專利）、現地土壤玻璃化(已獲得專利)、重金屬污染土壤轉化為有價多孔材(已獲得專利)、重金屬污染高鹽度底泥轉化為有價多孔材(已申請專利)等共 10 項主要技術，其中現地相反轉結合生物分解法已經完成現地模場試驗，且證實對風化之污染物去除效果極佳。但是目前技術僅在單一場址進行試驗，缺乏其他場址之模場試驗結果。

雖然此技術在整治污染底泥中風化之多氯聯苯與六氯苯之效果已經是目前文獻中最佳成果（即 70 天內可有效去除 98% 以上風化之多氯聯苯與六氯苯），但經應用於十溴二苯醚（BDE-209）之現地整治，效果不如預期，極可能是因為現地濃度過低或是不均質之情況過於嚴重所致，故技術仍需要進一步優化。此技術主要是經由以下程序整合而成（見圖 1-1）：(1) 注入高溫之水在油中（water-in-oil, W/O）乳化液以加強疏水性污染物自土壤有機質脫附及進入油相(Cornelissen et al., 1997a; Cornelissen et al., 1997b)；(2) 保溫 30 分鐘持續脫附並且以溫度有效篩選高效產氫菌與降解菌群 (Chang and Lin, 2004; Mu et al., 2007)；(3) 注入冷水降溫可完成現地相反轉成為較小顆粒之油在水中（oil-in-water, O/W）乳化液而有利於油顆粒在底泥孔隙中向上傳輸，並回收富含污染物之油相(Chang et al., 2012a; Förster et al., 1992)；(4) 底泥中殘餘之乳化液發酵為有機酸與氫氣做為降解菌群之碳源與



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

電子供給者，而鹵化有機污染物做為電子接受者進行有效生物降解(Alvarez and Illman, 2006)。目前此領域至少有六個重要研究課題應進行積極研究（詳見計畫書之附件三）。其中，剩下最後三項：不同場址與菌群之影響、生物分解與重金屬污染之交互作用、以及人工智慧與底泥菌群宏觀基因體大數據應用三方面尚需繼續研究。因此，本計畫目的是就不同污染物（鹵化物與重金屬）以人工智慧與宏觀基因體統計分析進行智慧型底泥污染整治技術研發，進一步優化 ISPIE/BiRD 技術並持續領先國際研究。

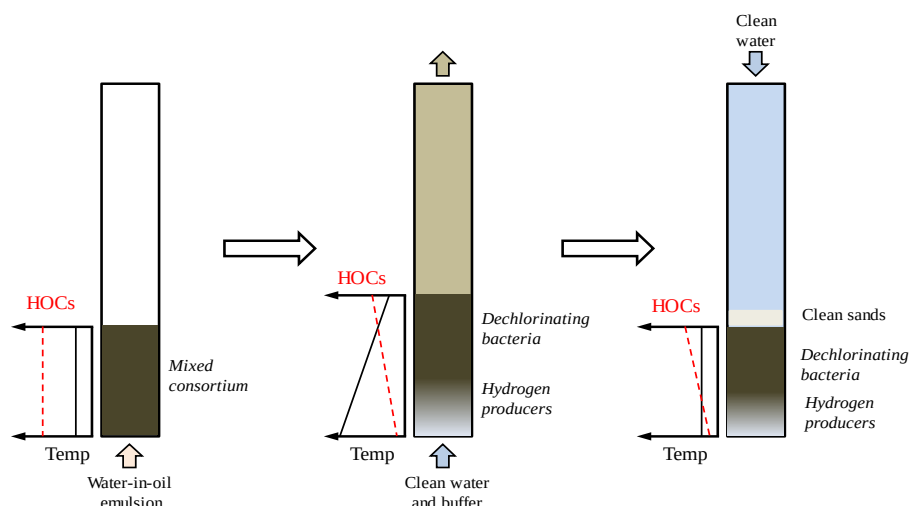


圖 1-1 ISPIE/BiRD 技術示意圖(Chang et al., 2019a)

按照我國現行土壤與地下水污染整治法（99 年 2 月 3 日施行）之定義，底泥係指因重力而沉積於地面水體底層之物質，其定義偏向固體顆粒，因孔隙水與氣體應不至有明顯沉降行為。美國環保署定義底泥係指起源於岩石或未固結沉積物之碎裂物質經過水體傳輸、懸浮或是沉降之物質(Unknown, 2015a)，此定義似乎更局限於無機顆粒，本計畫之底泥定義以我國法規定義為準，底泥之組成如圖 1-2 所示(Mulligan et al., 2010)。河川底泥在河川生態系中扮演極為重要功能，如河川自淨功能、浮游生物棲地、河川底棲（benthic）或是淺水棲（epibenthic）生物之棲地與洄游魚類覓食與繁衍地等。河川底泥既可成為河川污染之去處（sinks）也可成為污染源頭（sources）(CCME, 2001)。現行土壤與地下水污染整治法也定義土壤係指陸上生物生長或生活之地殼岩石表面之疏鬆天然介質，可吸附濾除雜質而保育水資源，也是土壤微生物與各式生物之棲所與植物生長賴以憑藉之環境介質，在生態系中扮演重要角色。土壤底泥遭受 POPs 之污染後，污染物將可循食物鏈進入動植物及人體，造成生態系損害及人體健康危害。POPs 大多為疏水性之有機污染物，亦即水溶性較低而脂溶性高之有機污染物，通常具有較高之 $\log K_{ow}$ 值，容易蓄積於土壤與底泥有機質中，一旦進入生物體內，容易累積於脂肪組織。

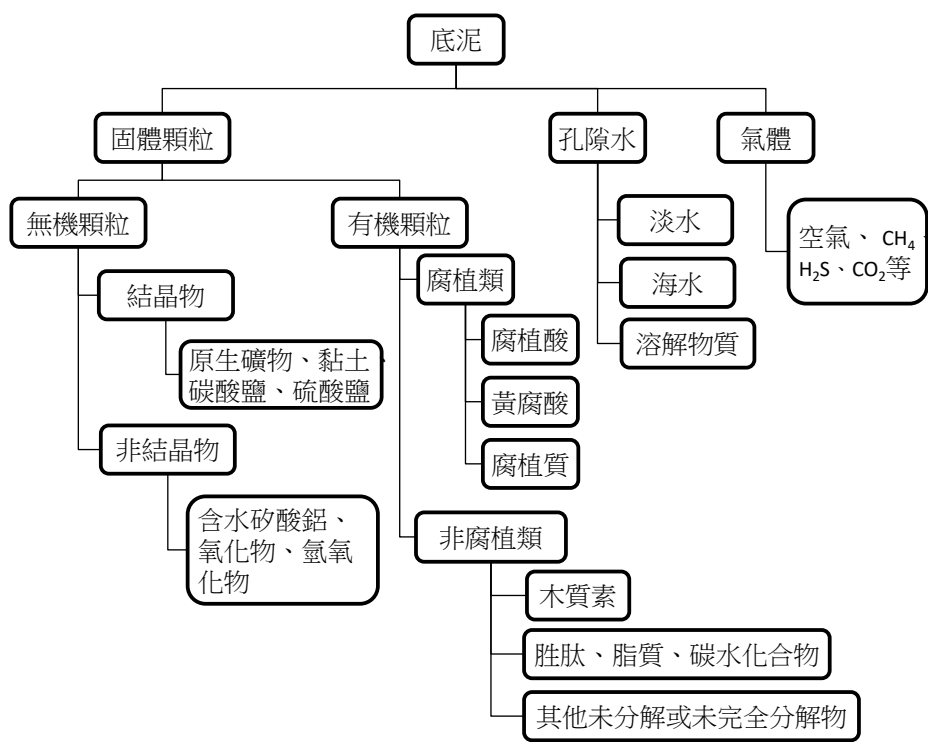


圖 1-2 河川底泥之組成(Mulligan et al., 2010)

因此，本計畫提出結合人工智慧以 ISPIE/BiRD 進行跨介質及跨不同污染物之整治平台技術研發及模場試驗驗證。底泥污染整治是針對 BDE-209 有機物污染進行 ISPIE/BiRD 之實驗室及現地模場試驗。故本計畫將針對 BDE-209 執行實驗室之批次實驗、管柱實驗與底泥整治之模場試驗，承襲以往計畫成果繼續研究，分為 2 年執行。於第 1 年完成實驗室中 ISPIE/BiRD 批次實驗與管柱實驗，第 2 年應用第 1 年計畫成果於現地模場試驗，全程計畫預計為期 2 年。

本專案計畫全部期程為 2 年，目前執行者為第 2 年計畫，執行期間自民國 112 年 12 月 18 日至 113 年 11 月 29 日止，經費來源為環境部環境管理署，核定計畫經費為新台幣 350 萬元整。



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



第2章. 研究目的

章節摘要：本章主要針對計畫之研究目的進行說明。

本計畫提出以 ISPIE/BiRD 進行整治平台技術研發及模場試驗驗證。底泥污染部分針對 PBDEs 有機物污染進行 ISPIE/BiRD 之實驗室及現地模場試驗，並且應用人工智慧模式針對所有量測數據進行機器學習。本計畫目的是就不同污染物以人工智慧與宏觀基因體統計分析進行智慧型底泥污染整治技術研發，進一步優化 ISPIE/BiRD 技術並持續領先國際研究。故本計畫將針對目標污染物執行實驗室之批次實驗、管柱實驗與 1 項底泥整治之模場試驗，分為 2 年執行。第 1 年計畫相關進度均已經按原訂進度完成，第 2 年也已經完成現地應用 ISPIE/BiRD 於模場試驗。

本計畫進行底泥兩介質之平台技術之開發及驗證並且是在南崁溪河床進行模場試驗。其中，選取 PBDEs 為目標污染物是因為我國使用量相當大，在底泥中累積之濃度名列世界前茅(Cheng and Ko, 2018)且是測試 ISPIE/BiRD 技術應用於不同鹵化物之整治效果之最佳標的。

以下針對技術之學術性、創新性與產業應用價值說明計畫之重要性。就學術性而言，ISPIE/BiRD 從未有其他任何研究團體進行嘗試，且乳化液應用於底泥之研究僅有少數報導，本團隊先前以雙層乳化液進行底泥中十溴聯苯醚之去除與降解已經順利發表於 SCI 期刊(Chang et al., 2017)，由於目前僅有本研究團隊完成可在現地以溫和物理化學程序結合生物分解可在數十天內達到高度去除率之報導(Chang et al., 2017; Li and Chang, 2022)，此技術應具有繼續研發及在學術界發表之價值。就創新性而言，ISPIE/BiRD 屬於研究團隊全新發想之技術，目前尚無其他團隊之文獻有類似之構思或嘗試，屬完全之創新研究。就產業應用價值而言，目前台灣之河川底泥整治市場尚未興起，但在歐美地區已經是數十年之既有市場，而中國大陸市場目前已經因政府主導開始進行整治，如深圳地區在 5 年前即有河涌整治計畫進行（按：河涌包括底泥）。此技術目前已經證實可行，應可成功進攻國際市場。但仍應繼續發展擴及不同介質與不同污染物，以持續領先國際。

本計畫提出之方法整合物理化學與生物篩選及降解，除本實驗室所發表之論文外，文獻中尚未見到任何相關報導，應具有學術探討之價值；且此技術已經獲得 2 項中國民國專利（發明第 I658008 號及發明第 I684575 號），故的確具有創新與進步性。



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

第2年計畫之研究目的如下

- (1). 模場試驗之不同深度底泥在 ISPIE/BiRD 之移除效率之差異
- (2). 研究在不同環境條件（含漲潮及距河口距離）對 BDE-209 降解之影響。
- (3). 模場試驗中風化組與添加組之移除率差異原因。
- (4). ISPIE/BiRD 在南崁溪底泥污染整治是否具有工程可行性。
- (5). 模場試驗之 TGS 資料分析對未來實場整治之助益為何。
- (6). 確認何種機器學習模式可有效應用於現場 TGS 資料及其工程應用之意義。



第3章. 文獻探討

章節摘要：本章主要針對與本計畫相關之文獻進行回顧與探討。

3.1. 文獻回顧與探討

河川底泥在河川生態系中扮演極為重要功能，如河川自淨功能、浮游生物棲地、河川底棲（benthic）或是淺水棲（epibenthic）生物之棲地與洄游魚類覓食與繁衍地等。河川底泥既可成為河川污染之去處(sinks)也可成為污染源頭(sources) (CCME, 2001)。底泥不僅與地表水水質緊密互動，息息相關，也與地下水污染有互動關係。當地下水遭受污染時，枯水期地下水涵養河川時，污染物也可進入底泥孔隙中，在超越底泥涵容能力時可進而污染河川水質；同理，當河川水涵養地下水時，河川污染物也有機會進入地下水含水層中。底泥之組成如圖 1-2 所示 (Mulligan et al., 2010)，而按照我國現行土壤與地下水污染整治法（99 年 2 月 3 日施行）之定義，底泥係指因重力而沉積於地面水體底層之物質，其定義偏向固體顆粒，因孔隙水與氣體應不至有明顯沉降行為。美國環保署定義底泥係指起源於岩石或未固結沉積物之碎裂物質經過水體傳輸、懸浮或是沉降之物質(Unknown, 2015a)，本計畫之底泥定義以我國法規定義為準。

以下將針對底泥中 BDE-209 污染毒性與環境宿命進行簡要說明。工業生產通常以商用四溴二苯醚、商用五溴二苯醚、商用八溴二苯醚及商用十溴二苯醚為主要品名，生產方法多為直接觸媒溴化方式，故產生多種同分異構物，依理論計算有 209 種之多。雖然以商用之四溴二苯醚、五溴二苯醚、八溴二苯醚及十溴二苯醚為名，實際上各別均為混合物（見表 3-1）(Darnerud et al., 2001; La Guardia et al., 2006)，其結構通式如圖 3-1 所示。

表 3-1 市售之多溴二苯醚（PBDEs）成分(Darnerud et al., 2001)

同源物群 (Congeners)	市售產品名稱			
	商用四溴二苯 醚TetraBDE	商用五溴二苯 醚PentaBDE	商用八溴二苯 醚OctaBDE	商用十溴二苯 醚DecaBDE
未知物	7.6%		—	—
三溴二苯醚 TriBDEs	—	0–1%	—	—
四溴二苯醚 TetraBDEs	41–41.7%	24–38%	—	—
五溴二苯醚 PentaBDEs	44.4–45%	50–62%	—	—
六溴二苯醚 HexaBDEs	6–7%	4–8%	10–12%	—
七溴二苯醚 HeptaBDEs	—	—	43–44%	—
八溴二苯醚 OctaBDEs	—	—	31–35%	—
九溴二苯醚 NonaBDEs	—	—	9–11%	0.3–3%
十溴二苯醚 DecaBDE	—	—	0–1%	97–98%



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

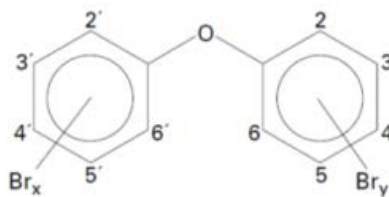


圖 3-1 多溴二苯醚 (PBDEs) 結構式之通式 ($x+y=1\sim10$)

多溴二苯醚 (polybrominated diphenylethers, PBDEs) 主要用途為阻燃劑，可降低材料易燃性及降低起火後之火勢蔓延速度(Vonderheide, 2009)，可存在於塑膠製品、紡織品、電纜、電氣絕緣材料、電子電機連結器及其他日用品中(Ward et al., 2008)。在使用期間或棄置後，PBDEs 均可釋放至環境中，其毒性雖然不屬於極高毒性（其 $LD_{50} > 1.0 \text{ g/kg body weight}$ ）(Moeller, 2005)，但因具致畸胎性、內分泌干擾能力、致癌性、神經發展毒性(McDonald, 2002)及高度之生物累積性且在環境中不易分解，故獲得國際間高度重視。就其環境宿命而言，PBDEs 具有相當高之辛醇-水分布係數 (Octanol-Water Partition Coefficient, K_{OW})，容易蓄積在生物性顆粒（如廢水生物污泥）或是水域之底泥中。另一可能來源是焚化煙道氣中釋出或是掩埋之垃圾滲出水中流出(Darnerud et al., 2001)。此外，台灣河川行水區曾被作為垃圾堆置場，PBDEs 有可能直接進入河川中，河水中之 PBDEs 因台灣河川坡陡流急及其本身物化性質，而蓄積於河川中下游坡度平緩河段或是出海口附近之底泥中。台灣西南沿海之沈積物中，其總 PBDEs（不含 BDE-209）濃度最高可達 $1.82 \mu\text{g/kg}$ (Jiang et al., 2011)，本實驗曾經測得台灣南部河川底泥中 BDE-209 超過 20 mg/kg ，在全世界紀錄中名列前茅（尚未發表）。

有關 PBDEs 生物降解，台灣大學王一雄教授曾以南港溪與二仁溪之底泥中之厭氧微生物進行 BDE-47、BDE-99、BDE-100、BDE-153 及 BDE-154 之生物降解實驗，經過 70 天批次實驗，五種 PBDEs 之去除率均小於 20%，顯示 PBDEs 在台灣河川底泥之厭氧環境中可能不易快速進行厭氧生物降解(Yen et al., 2009)。東吳大學張怡塘教授曾針對 BDE-209 以混合菌群進行好氧降解，發現此混合菌群在有紫外線或無紫外線照射之情況下均能降解十溴二苯醚（BDE-209），其降解之產物分佈於三至七溴二苯醚之間。台灣大學施養信教授曾以奈米零價鐵進行 BDE-209 之降解研究，發現在 40 分鐘內可有效降解達 80%，效果相當好；但在實場應用時，因有其他氧化物種競爭，恐不易達到此效果。東吳大學張碧芬教授團隊曾經在實驗室中嘗試以底泥微生物菌群進行 BDE-209 之厭氧生物降解，發現添加零價鐵之情況下比未添加者為佳並可在大約 60 天內完全降解(Yang et al., 2017)。

我國環境部（原環境保護署）業於 1999 年 12 月 24 日將十溴二苯醚公告為第四類毒性化學物質，2005 年 12 月 30 日將較高毒性之五溴二苯醚及八溴二苯醚公



告為第一類毒性化學物質。近來研究發現，河川及湖泊底泥中之 PBDEs 具有高度之生物可及性 (Bioavailability)，可經由食物鏈傳遞，造成人體中濃度累積(Hites, 2004)。法國學者指出法國吉輪特河口中之鰻魚含有高劑量 PCBs、PBDEs，可影響當地居民健康(Tapie et al., 2011)。大鼠動物實驗中顯示其具有擾亂懷孕中母鼠胚胎之性別發展之特性，導致雌性化或是雌雄同體之情況(Lilienthal et al., 2006)；而在小鼠之試驗中，則發現有 BDE-47 (2,2',4,4'-Tetrabromodiphenyl ether) 累積於肝臟之情形(Pacyniak et al., 2011)；在河川底泥中之 PBDEs 可干擾魚類之內分泌系統，造成雄魚之雌性化(Buxton, 2006; Hotchkiss et al., 2008)。此外，PBDEs 屬於內分泌干擾素，在極低濃度即可擾亂內分泌系統（通常內分泌物在血液中濃度均在 0.1-10 pg/L 等級，亦即 0.00010-0.010 ppt 以下），此點與傳統之較高量之化學污染物直接毒害人體情況大不相同（如 Dioxin 同源物 TCDD 之 LC_{50} 為 1.0 $\mu\text{g/kg}$ body weight，為 ppb 等級）。因此，底泥中之高濃度 PBDEs 對人體健康福祉與生態環境之影響甚鉅，實有進一步探討以工程方法有效去除之必要。

就其環境宿命而言，PBDEs 具有相當高之辛醇-水分布係數 (Octanol-Water Partition Coefficient, K_{ow} ，見表 3-2 (Kwon et al., 2006; Mackay and Hickie, 2000)，故具有高度之親油性與疏水性，不易揮發（蒸氣壓甚低），在水中之溶解度甚低，容易蓄積在生物性顆粒（如廢水生物污泥）或是水域之底泥中。居家用品可能於使用中即釋放 PBDEs 外，另一可能是經由垃圾收集之後，經焚化或掩埋過程中，從煙道氣中釋出或是垃圾滲出水中流出。焚化煙道氣理應是 PBDEs 進入大氣環境中主要途徑(Darnerud et al., 2001)，但經實驗室焚化研究發現，焚化可分解 99.9% 以上之 PBDEs，並通常將高溴數之 PBDEs 破壞殆盡，留下較低溴數之 PBDEs (Sakai et al., 2001)。若是進入廢水處理場中，經研究發現已知整體廢水處理可去除約 93%

表 3-2 PBDEs 之物理化學特性

同源物分組	分子量 (g/mole)	$\log K_{ow}$ 值	蒸氣壓 (Pa, 25°C)	水中溶解度 ($\mu\text{g/L}$)
三溴二苯醚	406.9	5.47-5.58	$0.8-3.9 \times 10^{-3}$	380
四溴二苯醚	485.8	5.9-6.2	$2.6-3.3 \times 10^{-4}$ (20°C)	70
五溴二苯醚	564.8	6.5-7.0	4.69×10^{-5}	13.3
八溴二苯醚	801.5	8.4-8.9	6.59×10^{-6}	<1
十溴二苯醚	959.2	10.0	4.63×10^{-6}	<0.1

之 PBDEs，但是所有單一處理單元幾乎都無法有效降解 PBDEs，而是因其本身之物理化學特性而吸附在沉降之污泥中(Ikonomou and Rayne, 2005; Rayne and Ikonomou, 2005)。在國外生物性污泥 (Biological sludge) 或是下水污泥 (sewage sludge) 則可作為土壤改良劑，台灣因為污水下水道接管率逐年提升，也倡議將



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

來可將污泥作為土壤改良劑，因此未來將面臨類似問題。此外，台灣有一獨特現象，即河川行水區被作為暫時垃圾堆置場之情況比比皆是，直到今日仍有不肖業者隨意傾倒事業廢棄物於河川中。因此，台灣地區之 PBDEs 有可能直接進入河川中，河水中之 PBDEs 因台灣河川坡陡流急及 PBDEs 本身之物理化學性質，而多半蓄積於河川中下游坡度較平緩河段或是出海口附近之底泥中。台灣西南沿海之沈積物中，其總 PBDEs（不含 BDE-209）濃度最高可達 1.82 ng/g(Jiang et al., 2011)。同時可見 BDE-209 濃度均為總 PBDEs 之數倍至數百倍；此種現象在全世界均相當常見，如表 3-3 所示(Zhao et al., 2011)。

表 3-3 底泥中總 PBDEs（無 BDE-209）與 BDE-209 濃度分布（單位: $\mu\text{g/kg}$ ）

Location	ΣPBDEs^a	BDE-209	References
<i>Asia</i>			
Southwestern coast, Taiwan	BDL ^b -1.82	BDL-6.26	This study
Macao coast, China	0.6-41.3	6.7-149	Mai et al. (2005)
South China Sea, China	0.04-4.5	0.4-9.1	Mai et al. (2005)
Coast of Qingdao, China	0.12-5.5		Pan et al. (2007)
Coastal location, South Korea	0.05-0.90	0.22-493	Moon et al. (2007)
Tokyo Bay, Japan	0.05-3.6	0.89-85	Minh et al. (2007)
Osaka Bay, Japan	8-352		Ohta et al. (2002)
<i>America</i>			
Great Lake, USA	0.3-6.3	4-242	Song et al. (2004, 2005a,b)
San Francisco Bay, USA	BDL-212		Oros et al. (2005)
<i>Europe</i>			
Scheldt estuary, Netherlands	14-22	240-1650	Verslycke et al. (2005)
Spain	0.24-3.94	2.46-132	Eljarrat et al. (2005)
Portugal	0.5-20		Lacorte et al. (2003)
Rivers and estuaries, UK	1.3-1270	BDL-3190	Allchin et al. (1999)

^a BDE-209 not included.

^b BDL = below detection limit.

依據我國環境部國家環境研究院檢測技術中心（以下簡稱環檢中心）於 2005 檢驗結果顯示，我國各河川魚體中之 PBDEs 濃度以二仁溪中之含量最高，可達 281 ng/g 脂質(環境檢驗所, 2005)。依據田倩蓉教授等 2004-2008 年於 41 條台灣主要河川底泥中 PBDEs 污染濃度調查結果顯示：二仁溪底泥中之總 PBDEs 濃度最高，可達 800 $\mu\text{g/kg}$ （乾重），淡水河次高(田倩蓉, 2008)，此檢測值與國際間之檢測值比較，已經屬於名列前茅，且以底泥與食物鏈之緊密關聯以及國土狹小且人口稠密之特性，可知國人之健康正遭受嚴重威脅。若以表 3-2 之水中溶解度觀察，某些 PBDE 同源物在底泥之土壤顆粒中可能以單獨純相、吸附於有機質或是分布於其他有機相之型態存在。

另一項與環境宿命相關研究是有關逸度模式運算預測結果（Fugacity modeling and prediction），所謂逸度（Fugacity）係指一化學物質由某一相逸散進入另一相之趨勢程度，而逸度模式（Fugacity Model）主要利用其化學物質之逸度關係進行多種環境介質間的分佈情形預測。一般之逸度模式均採用加拿大 Trent University 之



環境模式與化學中心（Center for Environmental Modeling and Chemistry）之逸度模式進行運算。該模式分為三種不同之層次（Levels），第三層次與前兩層次較不同處在於納入介質間之質傳速率，且介質間之平衡是非必要的，最接近實際環境情況。依據第三層次逸度模式針對 PBDEs 模擬之結果（Fugacity modeling Level III）之如表 3-4 所示(CEPA, 2006)。若將 PBDEs 三等分分別釋放至空氣、水及土壤中則有將近六成 PBDEs 會蓄積在底泥當中。釋放到空氣中則大多蓄積在土壤中；若釋放至水中，則有 98.1%蓄積在底泥中；若是釋放至空氣中則有 99.9%蓄積在土壤中(CEPA, 2006)。以台灣之特殊情況（一般廢棄物與事業廢棄物均可能棄置於河床），直接釋放至水體之比例相當高；而且通常污染土壤之面積與體積均遠大於底泥且較分散之情況，針對蓄積高濃度 PBDEs 且集中之底泥首先進行污染整治應屬事半功倍與當務之急，並且也較為經濟可行。

表 3-4 依據逸度模式 Fugacity modeling Level III 之模擬結果

釋放情形	預測分布情況（%）			
	空氣	水	底泥	土壤
三等分釋放至空氣、水及土壤	0.2	1.2	59	40
100%釋放至空氣中	1.07	0.4	21	77.5
100%釋放至水中	8×10^{-5}	1.93	98.1	0.006
100%釋放至土壤中	6.1×10^{-7}	0.002	0.11	99.9

整治底泥污染有數種工法，目前國際間最盛行之方法不外乎疏濬法、挖出掩埋、挖出處理後掩埋、水中封閉掩埋、深海棄置、自然回復（natural recovery）、現址加蓋（capping）與生物復育（bioremediation）。疏濬法與挖出法耗費鉅資且容易造成污染底泥再懸浮而擴大污染面積；復以我國河川之坡陡流急、河道狹小且有疏洪要求以及近海漁場重要性，水中封閉掩埋、深海棄置與加蓋處理均不適合，只有自然回復與生物復育較為可行。生物復育又可分為植物整治（phytoremediation）與現址生物整治（*in-situ* bioremediation）。因植物整治僅能以河岸及淺灘地為限，無法有效降低河道中底泥之污染，現址生物整治為較全面性之整治工法。其他常應用於土壤與地下水之物理化學方法較未被應用，其可能之原因為一般所使用之藥劑或是吸附材均需在水相中進行，針對吸附於固相之污染物不易進行且極容易因河水所稀釋而無法達到預期效果，除非有一項技術可以有效地應用污染物本身之物理化學特性，先減少其大部分質量，再將剩餘少數污染質量交由現地微生物進行生物分解而降低。

因此，本計畫提出藉由主要 PBDEs 同源物均具有超高之 K_{ow} 之特性，提供一奈米尺度之油相與超高之比表面積，在單位油質量之高碰撞頻率下，將底泥中之



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

PBDEs 重新分布於所提供之油相中，再將此油相與水相分離回收之。南韓學者曾嘗試以大顆粒之乳化液處理氯化有機物污染之土壤，其批次實驗之結果顯示：可有效去除 90.7%之三氯乙烯(10,000 ppm)、97.3%之四氯乙烯(4,000 ppm)及 99.7%之 1,2-二氯苯(7,800 ppm)(Kwon et al., 2006)。由表 3-5 之數據可以看出 $\log K_{ow}$ 值愈高，水中溶解度愈低，乳化液之批次去除率愈高。經比較表 3-2 與表 3-5 之數據可發現：PBDEs 之 $\log K_{ow}$ 值遠較表 3-5 中之所有有機物高，且蒸氣壓與水中溶解度則遠低於表 3-5 中之有機物。可以推論得知：PBDEs 應該比上述氯化有機物更容易分布於油相中，既不容易逸散至空氣中，更不容易停留在水相之溶液中。因此，將奈米尺度油顆粒之乳化液（簡稱奈米乳化液）加入河川底泥當中，再適度擾動底泥以移除 PBDEs 之工程構想絕對是可行的，而且在本實驗室已經有初步研究成果。

表 3-5 特定氯化有機物之物理化學特性(Kwon et al., 2006)

有機物名稱	分子量 (g/mole)	$\log K_{ow}$ 值	蒸氣壓 (Pa, 25°C)	水中溶解度 (mg/l, 25 °C)	批次去除率
三氯乙烯	131.3	2.29	9200	1099	90.7%
四氯乙烯	165.8	3.40	2467	200	97.3%
1,2-二氯苯	147.0	3.83	200	156	99.7%

本研究選定 PBDEs 目標污染物係針對我國底泥中 PBDEs 同源物之濃度高低以及對環境危害程度進行考量。由圖 3-2 可知，田姓學者等對我國六條河川底泥中之 PBDEs 同源物之濃度分布進行比較發現 BDE-206、BDE-207 與 BDE-209 必須分別乘以 0.1、0.1 與 0.01 方能與其他污染物一同比較，可見其質量可能佔總 PBDEs 之 98%以上。參考表 3-1 中各商品化之多溴二苯醚中各種同源物之分布，不難發現此三者應均屬十溴二苯醚之污染。而其他未乘任何因子之同源物中以 BDE-47 與 BDE-99 較高，參考其他文獻後也發現 BDE-47 與 BDE-99 之環境濃度高也相對毒性大，故本研究之 PBDEs 污染物以 BDE-47、BDE-99 與 BDE-209 為目標污染物。

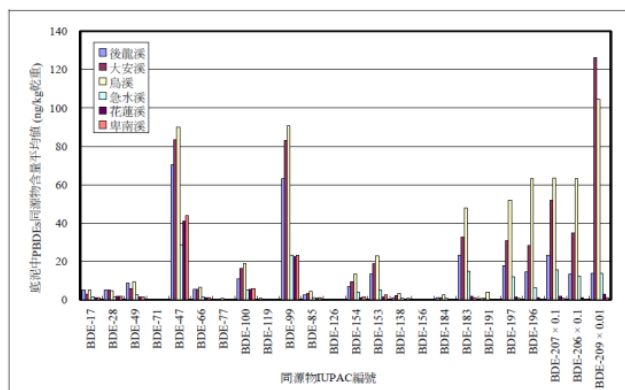


圖 3-2 年度河川底泥 PBDEs 同源物濃度分佈圖(田倩蓉, 2008)



奈米乳化液係指藉由適當之界面活性劑將油乳化為直徑在 100 奈米以下之油顆粒後均勻分散在水相中之溶液，以食品級之界面活性劑乳化食用油之乳化液已經在市面上銷售，作為地下水含氯有機溶劑污染整治之電子供給者，但其粒徑在 500 奈米或是 1,000 奈米以上(Coulibaly et al., 2006; Long and Borden, 2006)。本實驗室已經完成食品級之奈米乳化液，大豆油顆粒之粒徑介於 13 至 67 奈米(張書奇 et al., 2009) (見圖 3-3，動態散射光儀器量測結果)，經管柱傳輸研究發現，奈米乳化液在中細砂層中傳輸速度與離子溶液追蹤劑之傳輸速度相當，細砂層幾乎完全無法阻礙其在土壤孔隙中之傳輸速度(見圖 3-4，管柱實驗結果)(張書奇 et al., 2009)。而以碰撞理論而言，顆粒愈小之奈米乳化液在相同質量濃度下有相對較高之機率與溶液中其他顆粒碰撞(Camp and Stein, 1943)。此外，在相同之質量下，較小顆粒乳化液具有較高之比表面積，可提供較多之表面供 PBDEs 進行油水兩相之間的重新分布 (Repartitioning)。因此，愈小之油顆粒愈能夠提高 PBDEs 進入油相中之速率，亦即同時具有動力學 (Fast kinetics) 與熱力學 (Contaminant fugacity and emulsion metastability) 之優勢。

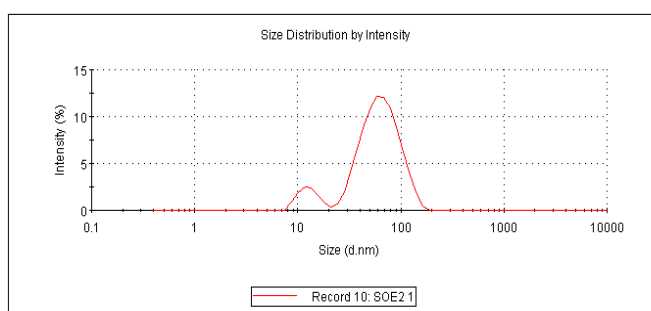


圖 3-3 本實驗室所製備之奈米乳化液之粒徑量測結果 (張書奇實驗室提供)

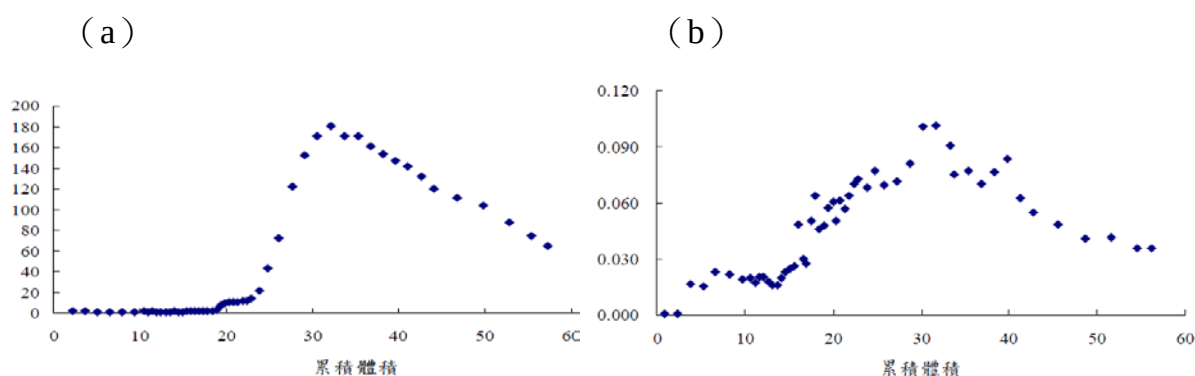


圖 3-4 溴化鈉 (a) 與奈米乳化液 (b) 傳輸實驗結果 (張書奇實驗室提供)

本研究將藉由乳化液之超高碰撞頻率與較大比表面積，在適度之攪動下，使底泥中之 PBDEs 與乳化油顆粒接觸，因其本身之親油 (疏水) 特性而使其絕大部份質量溶入油顆粒中，也正因為 PBDEs 溶入油顆粒，可造成乳化液系統之不穩定，再藉著油顆粒與底泥土壤顆粒之碰撞而更加速破壞此乳化液之穩定達到油水分層



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

之目的後，再進行表面油層之回收。如果油水分離速度過慢，則加入碳酸鈣或氯化鈣以提高硬度進行油水分離，將可有效促成油水分層。將表面之油份回收後，可有效濃縮 PBDEs 之濃度，再做後續之回收、焚化、固化或掩埋等處理與最終處置。依 $\log K_{ow}$ 計算，油相中之 PBDEs 濃度應是其在底泥水相中之數十萬倍以至一百億倍，所以可有效去除底泥中之 PBDEs。剩餘未能回收之食用油可供現地微生物進行 PBDEs 還原脫溴作用所需之電子供給者 (Electron donor) 之用 (Kanally and Bartha, 1999)。

3.2. 模場試驗背景說明

以下將針對進行模場試驗之底泥場址與土壤場址進行說明。

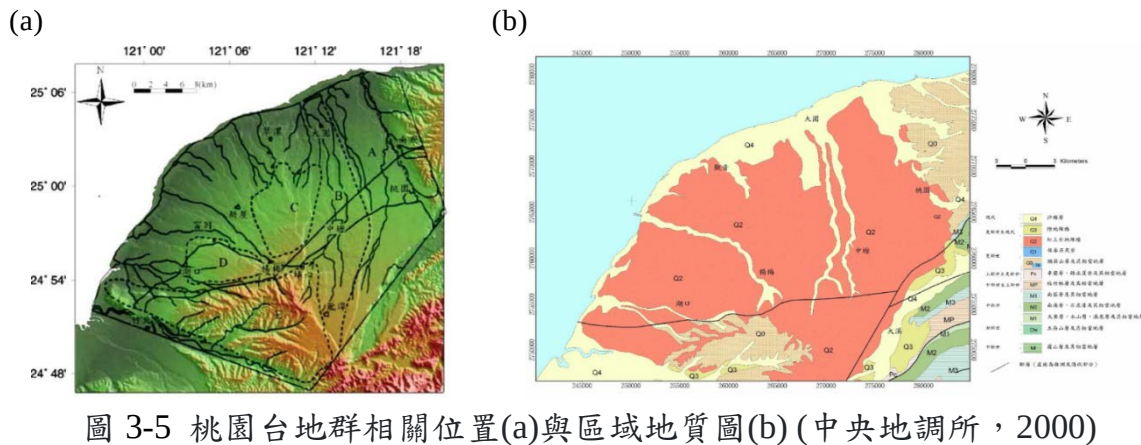
3.2.1. 底泥場址背景說明

本計畫已經選定南崁溪出海口彩虹橋東南側為試驗場址，也已經獲得桃園市政府水務局核發之使用許可（見附件一）。以下針對南崁溪污染底泥場址進行背景說明。

南崁溪為桃園市管理河川，發源於桃園市龜山區坪頂台地牛角坡一帶，流經龜山區、桃園區、蘆竹區及大園區，於竹圍漁港附近注入臺灣海峽，主流長約 30.7 公里，總流域面積約 214.6 平方公里。主要的支流包括茄苳溪、海湖溪、坑子溪、大坑溪、東門溪、楓樹坑溪等。流域範圍內人口密集、上中下游工商業均相當發達，但是污水下水道普及率不足，因而受到沿岸注入之生活污水與工業廢水常年污染，染整業、食品加工業、電子業、石化業等集中於中下游兩岸，致水質惡化。經政府加強管理及地方團體投入，南崁溪目前已逐漸改善。桃園地區位於台灣本島之西北部，整體地形呈現由東南向西北傾斜，為海拔低於 300 公尺之台地地形，東北邊鄰接林口台地。桃園市內可區分為桃園、中壢、平鎮、伯公岡與湖口共五個台地（見圖 3-5a 中 A、B、C、D 及 E）。桃園台地群的地質特徵為一連串高度不一且呈階梯狀之第四紀台地；原本為古石門沖積扇一部，經造山運動而隆起；表層多紅土礫石層，東側以新莊斷層為本構造區與經第三紀造山運動為界之斷層(如圖 3-5b)。桃園台地群之地表為厚約 5 公尺之紅土被覆，因透水性不佳，故可造「埤」以蓄存雨水。紅土層往下為厚約 20~40 公尺之礫石層，分布於全區，上部地下水層為自由含水層。再往下則皆為較細顆粒的砂岩及頁岩的交互層，大致上有三個（含）以上的含水層，為此區之受壓含水層(江崇榮，2000；簡錦樹與林道國，1990)。南崁斷層地區細部地質可分為大南灣層、林口層、桃園層與沖積層。桃園層由紅土與礫石構成。礫石主要為矽質砂岩其中混有矽質黑色頁岩，膠結物為泥沙，或被鐵質溶液所浸染；紅土呈紅色或黃棕色。除人為開挖外，甚少有自然剖面出露。沖積層主要為砂、礫石及泥，分布在大嵙溪及南崁溪河床，



此可能也是南坎溪河床有大量礫石原因之一。



南坎溪全河段水質多為中度污染（見圖 3-6），近五年來，在中游大檜溪橋、下游南坎溪橋與出海口處竹圍大橋 SS 介於 5.3-4,160 mg/L，BOD 介於 2.8-51.9 mg/L，DO 為 2.2-8.9 mg/L，NH₃-N 為 0.9-13.0 mg/L。整體而言，河水雖混濁，但並非完全墨黑色不透光之情形；且其污染趨勢除偶有突然大量排放（應屬意外

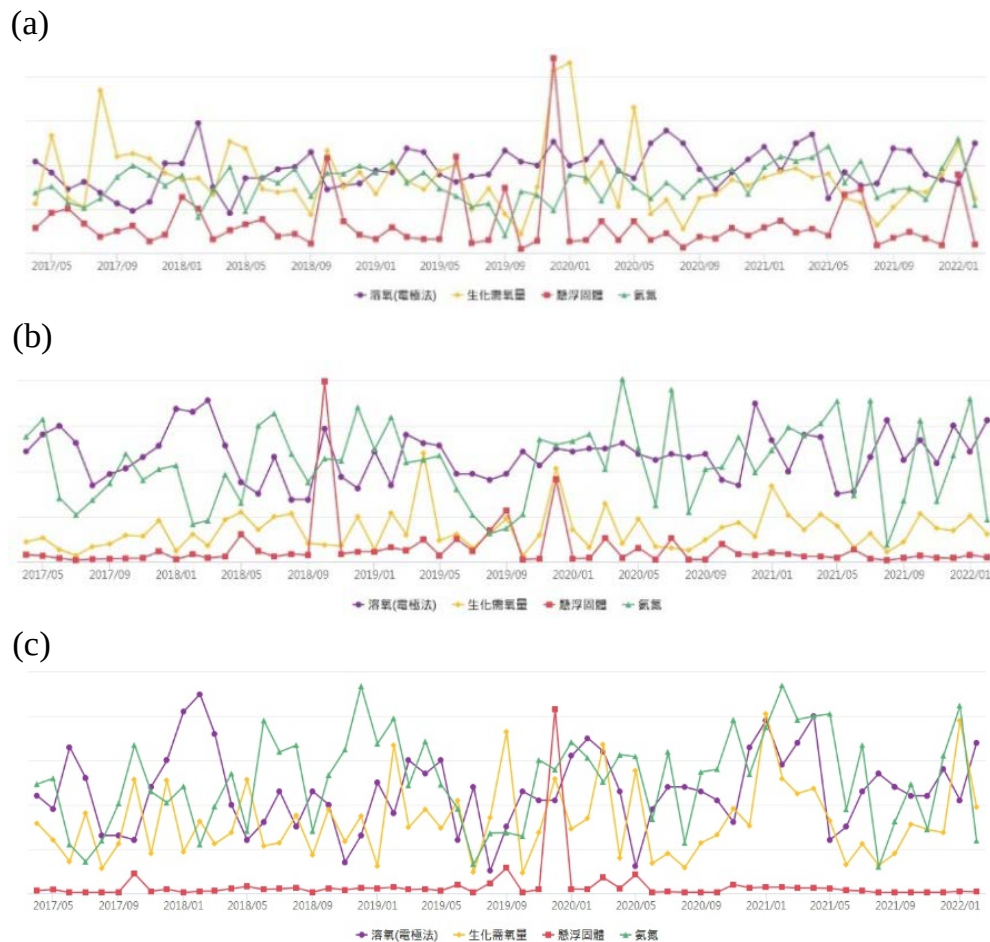


圖 3-6 近五年南坎溪污染趨勢圖：大檜溪橋 (a)、南坎溪橋(b)及竹圍大橋測站(c)



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

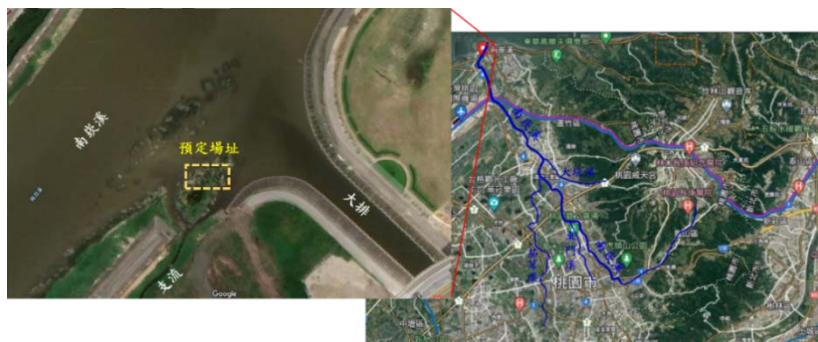


圖 3-7 南崁河流域與模場試驗預定場址（摘錄自 Google.com 並加以標示）

事件）外，大致恆定，無明顯惡化之情形。經踏勘南崁溪，發現自南崁溪橋以下均佈滿礫石，無底泥可採，僅在出海口彩虹橋上游兩側有底泥可採，尤其是東南側匯流處有完整沉積的底泥（見圖 3-7 之預定場址）。實際選定之模場試驗位置之考量因子為：（1）該場址為目前南崁溪下游之污染物濃度適合實施模場試驗之位置；（2）該河段底泥以接近出海口，因河水遭遇海水鹽度影響，重金屬污染物容易沉積，對污染河段而言具有代表性；（3）該處河水與底泥因污染程度較嚴重而較具代表性。

本研究團隊於 111 年 3 月於南崁溪彩虹橋上游匯流處東南側進行底泥採樣，經檢測分析發現 BDE-209 平均濃度為 0.58 mg/kg，最高者為 7.06 mg/kg，此最高濃度已經在全世界名列前茅（如圖 3-8），極適合做為 BDE-209 生物降解之交互作用研究。

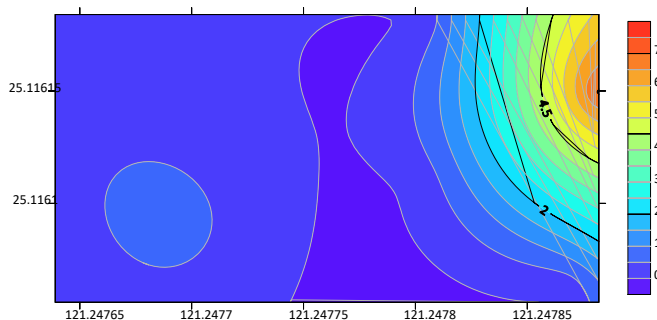


圖 3-8 底泥中 BDE-209 濃度等高線圖

3.2.2. 專案之可行性、新穎性、進步性及未來性

本計畫所需要發展之技術均為延續性計畫之技術優化，此系列研究已獲得 4 項發明專利及發表 SCI 期刊 6 篇（見附件二），確定是必定可行。本計畫所使用之 4 項技術（見計畫書核心技術之技術成熟度表），前 2 項均於底泥或地下水中試驗成功，第 3 項已經在地下水完成試驗（SCI 期刊撰寫中），僅有第 4 項屬於本計畫嘗試在高重金屬濃度下進行 BDE-209 降解，目前也有足夠文獻支持其可行性，故整體計畫之可行性無庸置疑。



本計畫擬繼續研發之 ISPIE/BiRD 技術為本實驗室所首創並且首先發表，目前國際間尚無其他實驗室進行相關文獻報導。本計畫將結合人工智慧與宏觀基因體學大數據分析，此跨領域研究在國際間尚少有報導，肯定是目前底泥相關研究中新穎之研究。新穎性也可由以往申請獲得之專利為一明證，本延續計畫所研發技術已經獲得 I658008、I684575、I718759 及 I7690191 等 4 項中華民國發明專利，足以證明此技術之系列產出均具有新穎性。目前尚有 1 項專利審查中、1 項專利撰寫中，預計明年（114 年）底前應有機會獲得第 5 項相關專利。本 2 年期計畫也預計將產出至少 1 項專利及至少 2 篇 SCI 期刊論文，故應具有新穎性。

未來性應指此技術研發是否在學術上可持續發表與實際整治市場具有技術移轉可行性，在學術上持續發表因前面所提到之新穎性與進步性，應屬水到渠成。而國際間多有先整治地下水與土壤，然後再進行底泥整治之趨勢，主要是考量污染物之流動性與持久性，地下水污染團之流佈可造成污染區域擴大而危及下游之受體並且可能造成賠償與整治經費倍增；而底泥污染物多是持久性且高 K_{OW} 值且低 K_H 值之污染物（如多氯聯苯、六氯苯、多環芳香烴、多溴二苯醚等），移動性低但可能快速進入食物鏈，因科技發展而逐漸能夠有效處理，所以進行底泥污染整治技術研發是具有未來性。近三年除台灣地區因原中油高雄總廠土水整治案將投入新台幣 260 餘億元之外，美國亦於 110 年 10 月通過之該國之基礎建設方案，其中將環境整治列為重要工作項目，預計 5 年（111-116 年）內投入 210 億美元（約合新台幣 6,195 億元）。本計畫目標污染物即為目前土壤及底泥整治之首要目標污染物，若經研發且驗證成功，未來市場應用價值相當高。

3.3. 國內外有關本計畫之文獻

3.4.1. 國內有關 PBDEs 之研究大致可分為檢測分析、動物及人體暴露研究與處理方法研究。以下分別敘述之。

- i. 檢測分析方面：國內最早進行 PBDEs 研究者為彭瑞華先生（其指導教授為鄭建業教授與黃金旺教授），早在 2002 年即完成環境基質中 PBDEs 以 GC-MS 檢測方法之研究(彭瑞華, 2002)。中央大學丁望賢教授與鍾尹如曾對海岸及河川底泥中 PBDEs 進行檢測，發現二仁溪底泥中之 PBDEs 濃度明顯高於北港溪及曾文溪，其中尤以 BDE-209 最高，達到 25.8 ng/g（乾重）(Jhong and Ding, 2008)。環檢所彭瑞華先生曾對焚化爐煙道氣中之 PBDEs 進行檢測，發現 BDE-49、BDE-99 及 BDE-28 佔大宗。環檢所也曾於 2004 年針對進行蘭陽溪、後龍溪、大甲溪、烏溪、八掌溪及鳳山溪



六條河川及三條河川出海口，新竹香山河口、鹿港溪河口及二仁溪河口進行魚體樣品之 PBDEs 檢測，發現最低是蘭陽溪，而最高是二仁溪河口，可達 281 ng/g（脂質乾重）(Peng et al., 2007)。清華大學凌永健教授與賴萬豪先生曾對工作及居家環境中 PBDEs 濃度分佈及曝露量進行評估研究，研究結果顯示室內空氣部份，較美國與英國為低，但較西班牙、葡萄牙與比利時為高。室外空氣部份，較中國與英國為低，與日本相當(凌永建 and 賴萬豪, 2008)。中山大學李宗霖教授與江政傑先生於 2006 年曾對台灣西南海域沉積物中之 PBDEs 進行採樣檢測，發現在所有檢測之 PBDEs 中，BDE-209 之含量最高，總 PBDEs 介於 ND-1.82 ng/g 之間，最高值出現在二仁溪出海口西方海域中(江政傑, 2006)。李俊璋教授與陳重羽先生於 2005 年研究台灣地區 12 條河川 PBDEs 分布情形之結果顯示，底泥中 PBDEs 濃度介於 0.828-80.120 ng/g 之間，其中以八掌溪濃度最高，卑南溪最低，所有檢測之 PBDEs 中，BDE-209 之含量最高，BDE-197、BDE-47、BDE-183、BDE-99 次之；魚體中 PBDEs 濃度介於 1.280-33.724 ng/g（脂質乾重）之間，所有檢測之 PBDEs 中，BDE-209 之含量最高，BDE-47、BDE-100、BDE-154 次之(陳重羽, 2005)；李俊璋教授與林翊嘉於 2006 年研究台灣地區廢棄家電與電腦處理業 39 名勞工進行 PBDEs 暴露評估研究，其結果顯示：行政人員組、廢電子電器組與廢資訊物品組勞工血中 PBDEs 平均濃度分別為 48.11、39.22 與 128.13 ng/g(脂質乾重)，明顯高於國外文獻中之研究族群之血中 PBDEs 平均濃度；血液中 22 種不同之 PBDEs 成分中以 BDE-209 最高，BDE-197、BDE-153 及 BDE-47 等 PBDEs 次之(林翊嘉, 2006)。田倩蓉教授於 2008 年進行環保署 97 年度毒性化學物質環境流布背景調查資料計畫，針對台灣地區 41 條河川進行底泥中 PBDEs 採樣檢測結果顯示最高濃度超過 800 ng/g，平均濃度超過 120 ng/g(田倩蓉, 2008)。

- ii. 動物及人體暴露研究方面：國立屏東科技大學趙浩然教授進行有關新生兒與 PBDEs 暴露之關聯性之研究，發現新生兒之體重減輕與 PBDEs 在母乳中之劑量有相當強之關聯，即體內劑量高者，其新生兒之體重明顯較輕；所檢測之 12 種 PBDEs 中，以四溴二苯醚（BDE-47）、五溴二苯醚（BDE-99 及 BDE-100）、六溴二苯醚（BDE-153 及 BDE-154）及十溴二苯醚（BDE-209）相對較高(Chao et al., 2007)；而針對體內暴露的研究指出，產前或新生兒接觸 PBDEs 之暴露將會影響甲狀腺激素和臍血中 IGF-1 之平衡(Shy et al., 2012)。國立高雄第一科技大學許崑奇教授曾針對四溴二苯醚（BDE-47）透過胎盤以致小鼠胚胎受到暴露之情況下，研究 BDE-47 對小鼠成長後自發性行為、學習與記憶進行研究，其研究結果顯示：成



鼠記憶能力明顯受損，同時對神經發展也有毒性影響，且對雌鼠影響較雄鼠更為顯著(陳立瑋, 2009)。國立東華大學陳德豪教授從針對 BDE-47 對斑馬魚幼魚生長、發育、基因表現與蛋白質表現進行研究，發現 BDE-47 的確對斑馬魚幼魚成長、發育、CYP1A1 基因之表現與蛋白質之表現有影響(Cheng et al., 2008)。中原大學王雅玢教授曾針對母乳中 PBDEs 濃度與飲食習慣及人口統計之關聯，發現孕婦 BMI<22.0 kg/m² 者之 BDE-47 之濃度明顯高於 BMI≥22.0 kg/m² 者 ($p = 0.041$)，食用甲殼類水生動物較頻繁者，其 PBDEs 總量濃度明顯高於較少攝食者 ($p = 0.002$) (Wang et al., 2008)。國內成功大學陳陽益教授團隊曾以逸度模式針對台灣西海岸之 PBDEs 之環境宿命進行研究並提出結論如表 3-6 所示，其中 BDE-209 在土壤及底泥中之佔比各為 42.0%及 54.5%(O'Driscoll et al., 2016)，也證實本計畫針對土壤及底泥中 BDE-209 進行整治是極有意義的，已經概括 96.5%之 BDE-209。東華大學柯風溪教授團隊則是針對淡水河河系進行採樣分析發現可達 10,464 ng/g，其中 BDE-209 佔比為 40.5-99.8% (Cheng and Ko, 2018)，此結果已再次證實針對 BDE-209 進行整治技術研發具有相當重要意義。台灣大學施養信教授團隊針對台灣北部某 PBDEs 土壤污染場址進行 4 年調查發現表土中之 BDE-209 佔比為 91.1-97.1% (BDE-209 / [BDE-206 + BDE-207 + BDE-209]) 且 BDE-209 佔比有逐年升高之趨勢，急需有效整治(Chou et al., 2019)。其他研究較偏重於醫學方面之研究，將不贅述。

表 3-6 台灣西海岸 PBDEs 之環境宿命推估結果

Compartment	BDE-47		BDE-99		BDE-209	
	Mass [kg]	Percent	Mass [kg]	Percent	Mass [kg]	Percent
Air	0.286	2.32	0.269	0.786	6.96	1.98
Water	0.528	4.28	1.36	3.97	5.57	1.58
Soil	10.0	81.2	19.3	56.4	148	42.0
Sediment	1.51	12.2	13.3	38.9	192	54.5
Total	12.3	100	34.2	100	352	100

- iii. PBDEs 之處理方面：台灣大學王一雄教授曾以南港溪與二仁溪之底泥中之厭氧微生物進行四溴二苯醚 (BDE-47)、五溴二苯醚 (BDE-99 及 BDE-100) 及六溴二苯醚 (BDE-153 及 BDE-154) 之生物降解實驗，經過 70 天之批次反應顯示，五種 PBDEs 之減量均小於 20%，顯示 PBDEs 在台灣河川底泥之厭氧環境中可能不易快速進行厭氧生物降解(Yen et al., 2009)；但以 70 天進行厭氧生物分解，可能研究觀察之時間稍有不足。東



吳大學張怡塘教授曾針對 BDE-209 以混合菌群進行好氧降解，發現此混合菌群在有紫外線或是無紫外線照射之情況下均能降解十溴二苯醚 (BDE-209)，其降解之產物分佈於三溴至七溴二苯醚之間；此研究之結果相當特殊，因為少有好氧菌群能夠有效進行高度溴化之二苯醚（如八至十溴二苯醚）之還原脫溴作用(廖怡芬 et al., 2009)。台灣大學施養信教授曾以奈米零價鐵進行十溴二苯醚 (BDE-209) 之降解研究，發現在 40 分鐘內可有效降解達 80%，效果相當好；但在實場應用時，恐有其他物種競爭，而不易達到此效果，如二仁溪底泥中之 PCBs 及 PAHs 之濃度均為 PBDEs 之十倍至千倍以上(戴侑宗, 2006)。東吳大學張碧芬教授團隊曾經在實驗室中嘗試以底泥微生物菌群進行 BDE-209 之厭氧生物降解，發現再添加零價鐵之情況下比未添加者為佳並可在約 60 天內完全降解 (Yang et al., 2017a)。賀姓學者團隊證實 *Dehalococcoides*、*Dehalogenimonas*、*Dehalobacter* 與 PBDEs 降解相關，但是 *Dehalogenimonas*、*Dehalobacter* 與未能培養出的 *Dehalococcoidia* 菌種似乎扮演更重要的角色(Xu et al., 2024)。

綜合以上國內研究結果，我國底泥樣品中，BDE-209（十溴二苯醚）常是所有 PBDEs 中濃度最高者，無論在魚體或人體中所累積之 PBDEs 中，BDE-209 通常最高，而 BDE-47（四溴二苯醚）、BDE-99（五溴二苯醚）、BDE-153（六溴二苯醚）及 BDE-154（六溴二苯醚）也相當常見，依據 La Guardia et al. 研究顯示市售之兩種廠牌之商用五溴二苯醚所有成分中以 BDE-99（44.8%及 48.6%）及 BDE-47（38.2%及 42.8%）最高，所以 BDE-99 與 BDE-47 可能並非降解產物，而是生物累積之結果，大部分之分析結果中，BDE-47 均高於 BDE-99，其原因不明，有可能是 BDE-47 之蒸氣壓較低，而有較高之生物可及性(Hites, 2004)。而 BDE-153（5.44%，5.32%）及 BDE-154（4.54%，2.68%）也在市售之兩種廠牌之五溴二苯醚所有成分中名列第四至第五高之成份，而 BDE-209（十溴二苯醚）佔商用十溴二苯醚之絕大部份（96.8%及 91.6%），也佔其中一廠牌之商用八溴二苯醚之 49.6%，而多組動物實驗均證實十溴二苯醚在環境中不易分解，也支持此一推論。而這五種 PBDEs 在台灣河川底泥之厭氧環境中可能不易快速分解(Yen et al., 2009)，但 BDE-209 在某些好氧環境下可能可以被分解，在特殊實驗室環境下也可能被奈米零價鐵快速分解。國內在 PBDEs 處理方面目前在起步階段，已有少數幾位教授在進行實驗室中生物降解與物理化學處理之研究。國內目前對於以奈米乳化液快速移除 PBDEs 及促進微生物降解方面之研究仍付之闕如，本研究之結果可補足目前相關研究之知識空缺 (Knowledge gap)。

3.4.2. 模場試驗背景說明



國外有關 PBDEs 之研究也大致可分為檢測分析、動物及人體暴露研究與處理方法研究。以下分別敘述之。

- (1). 檢測分析方面，國外之起步甚早，相關之分析方法文獻至少可以回推至 1979 年，DeCarlo 在 40 件人體毛髮樣品中，檢測到兩件具有 PBDEs 之濃度，最高可達 $5\mu\text{g/kg}$ (乾重) (DeCarlo, 1979)。1986 年瑞士之 Buser 博士發現在 PBDEs 之燃燒產物中有多溴戴奧辛與多溴呋喃之存在 (約佔產物之 10%)，於進行產物分析之同時，他以高解析度之氣相層析質譜儀 (HRGC-MS) 分析 PBDEs 中各種同源物 (Buser, 1986)。動物及人體暴露研究方面，過去三十餘年來，北美洲、歐洲及亞洲歷年之檢測分析結果見圖 3-9a (▲為北美洲樣品，○為歐洲樣品，■為日本之樣品，橫軸為公元紀年，縱軸為總 PBDEs 濃度，單位為 ng/g 脂質)。一般而言，人體中濃度為北美洲>歐洲>亞洲；同時體內濃度逐年升高 (似乎有指數性成長之趨勢)，濃度倍增時間約為 4.9 年 (即每 4.9 年即升高一倍)；在過去 30 年之間，人體中 PBDEs 濃度大約增加 100 倍，而且北美洲倍增時間較其他地區更短 (Hites, 2004)。將北美與歐洲人體樣品加以比較之結果發現北美洲之母體血液中之濃度大約是瑞典的 10 倍，在所有樣品中所得之總 PBDEs 濃度數據加以比較如圖 3-9b (同源物之成份百分比比較，由左至右依序為市售之五溴二苯醚、一般人體樣品、職業暴露人體樣品、海生哺乳動物、五大湖區鳥類、歐洲之魚類、北美之魚類及底泥樣品)，以總 PBDEs 濃度為分母之情況下，將各同源物濃度以百分比方式呈現。因 BDE-209 在 2000 年前之分析經常被忽略 (因樣品分析技術困難)，所以無數值並不代表 BDE-209 不存在。其中最為可信者為底泥樣品中 BDE-209 為最大宗 (多為 2000 年之後之分析結果)，此點與台灣地區之底泥採樣分析結果類似。全世界底泥採樣結果摘要彙整如表 3-7 所示 (Allchin and Boer, 2001; Allchin et al., 1999; Dodder et al., 2001; Hites, 2004; Lacorte et al., 2003; Nylund et al., 1992; Sellström et al., 1998; Zegers et al., 2003)。其中，河川底泥採樣結果，BDE-209 百分比可達 55.3-98.8%，其可能原因為 BDE-209 一旦進入河川中即吸附在土壤顆粒中，其生物可及性可能遠較其他 PBDEs 低，故能持續累積，此外依照樣品之年代與濃度作圖，可以發現底泥中之濃度倍增時間約為 3-4 年 (Hites, 2004)，但於 1985 年以後有較為緩慢之趨勢，以瑞典及美國五大湖區樣品之濃度分析，其倍增時間拖長為 8-9 年 (Hites, 2004; Li et al., 2006)。Guan 等於 2009 年針對珠江三角洲八個主要出海口一帶檢測底泥中之 PBDEs，發現在底泥中之固相中之濃度以 BDE-209 最高，BDE-206 及 BDE-207 次之；溶解相中之 PBDEs 以 BDE-209 最高，BDE-207、BDE-47 及 BDE-99 次之。



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(Guan et al., 2009)。

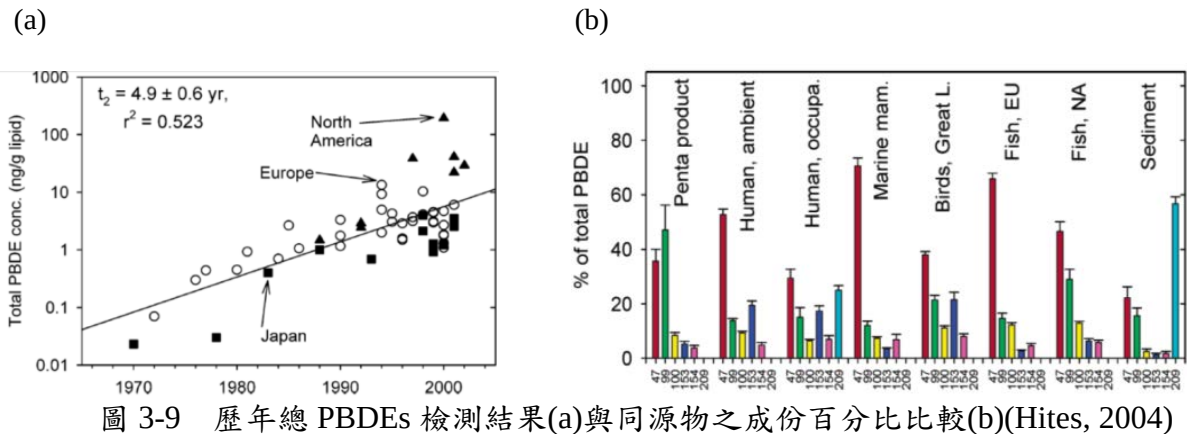


圖 3-9 歷年總 PBDEs 檢測結果(a)與同源物之成份百分比比較(b)(Hites, 2004)

表 3-7 世界各地之底泥中 PBDEs 同源物分布情形

location	type	date	reps	47	99	100	153	154	209	ΣPBDE	% 47	% 99	% 100	% 153	% 154	% 209	ref
Sweden	rivers	1995	7	56.6	14.9	13.7			7100	7190	0.8	0.2	0.2				98.8 (77)
U.K.	rivers	1996	27	8.47	14.9					23.3	36.3	63.7					(88)
Netherlands	rivers	2000	22	1.10	0.60				22.0	23.7	4.6	2.5					92.8 (87)
U.K.	rivers	2000	7	3.80	7.10				16.0	26.9	14.1	26.4					59.5 (89)
U.K.	rivers	2000	15	7.20	9.60				119	136	5.3	7.1					87.6 (89)
U.K.	rivers	2000	6	0.24	0.22				0.57	1.03	23.3	21.4					55.3 (89)
Portugal	rivers	2001	32	0.39	0.40	0.24				1.02	37.9	38.9	23.2				(90)
averages				2.48	1.82	0.84	0.19	0.23	359	203	32.2	22.6	3.6	1.9	2.5	82.5	
standard errors				1.58	0.67	0.76	0.13	0.16	337	189	5.8	4.2	1.3	0.9	1.1	3.6	
geometric means				0.18	0.18	0.05	0.03	0.06	5.67	1.02	13.4	12.1	1.9	1.1	1.5	80.1	

註：表頭由左至右分別為地區、樣品形式、時間、樣品數、BDE-47 濃度、BDE-99 濃度、BDE-100 濃度、BDE-153 濃度、BDE-154 濃度及 BDE-209 濃度、總 PBDEs 濃度、BDE-47 濃度百分比、BDE-99 濃度百分比、BDE-100 濃度百分比、BDE-153 濃度百分比、BDE-154 濃度百分比及 BDE-209 濃度百分比。

(2). 動物及人體暴露研究方面：Frederiksen 等曾就近年來之人體暴露途徑研究進行文獻回顧，同時對外部路徑（如灰塵、飲食及空氣）與內部路徑（母乳與血液）之暴露進行比較。由於 PBDEs 具有高度親油性而容易累積在脂肪組織，因此食物鏈中較高層消費者之魚類及生物脂肪含量較高之油製品均含有相對較高濃度之 PBDEs，食用或使用這些製品是人體暴露之重要途徑。此外，家中灰塵可能是室內暴露之主要來源，而食入含有高濃度 BDE-209 似乎是最主要之暴露途徑。對學步期之幼兒而言，因其食入較多家中塵土而體內濃度顯然高於成人，尚未斷奶之嬰兒則以母乳為最主要之暴露途徑。北美地區人體之內部暴露之劑量比歐洲與亞洲約高出十倍，此差異無法完全以飲食差異解釋，因為只有少數幾種肉類在北美地區之 PBDEs 濃度較高，但北美之室內空氣與灰塵中之 PBDEs 濃度則為歐洲與亞洲之十倍以上，似乎較能解釋人體劑量之差異。近來發現母體血與臍帶血中 PBDEs 之同源物比例也有隨時間演變之現象，與母體血液相比較，臍帶血中之 BDE-209（特別是胎盤中）之比例愈來愈高(Frederiksen et al., 2009)。家貓因有舔舐毛髮之習慣，也可能因此食入



較多家中塵土，經研究發現其血液中平均 PBDEs 濃度約為一般美國成人血液中平均 PBDEs 濃度之 20-100 倍，因此居家塵土有可能是相當重要之人體暴露來源(Dye et al., 2007)。在一般環境中之其他生物之暴露相關研究方面，斑馬魚 (*Danio rerio*) 之研究也發現幼魚可由母系之血液中承受母體血液中之 PBDEs，所檢驗之八種 PBDEs 在所有樣本中均可發現(Nyholm et al., 2008)。大鼠動物實驗中顯示其具有擾亂懷孕中母鼠胚胎之性別發展，導致雌性化或是雌雄同體之情況(Lilienthal et al., 2006)。在河川底泥中之 PBDEs 可干擾魚類之內分泌系統，造成雄魚之雌性化(Buxton, 2006; Hotchkiss et al., 2008)。

- (3). 在生物分解部份，PBDEs 被證明可進行好氧生物分解及厭氧生物分解。加拿大之維多利亞大學 Whale 教授團隊曾在 2003 年針對 4,4'-二溴二苯醚進行厭氧微生物降解實驗，發現在固定膜之柱流式生物反應器 (Plug flow bioreactor) 中，以停留時間 3.4 及 6.8 小時之條件下，可將上述之二溴二苯醚生物分解為 4-單溴二苯醚及二苯醚，且由實驗觀察得知，4,4'-二溴二苯醚分解為 4-單溴二苯醚為速率決定步驟，一旦成為 4-單溴二苯醚後，可迅速分解為二苯醚(Rayne et al., 2003)。中國學者研究指出十溴二苯醚的生物降解受好氧生物轉化之影響，在中國廣東省廉江市河之底泥中發現具十溴二苯醚脫溴能力之好氧菌株 DB-1，此 DB-1 可以有效利用碳源、乳酸、丙酮酸和醋酸來降解十溴二苯醚(Deng et al., 2011)。瑞士之 Kohler 教授之團隊曾經以生活污水污泥之菌群進行十溴二苯醚之生物降解實驗，發現降解速率非常慢，實驗必需持續超過 70 天以上才能觀察到較明顯之九溴二苯醚之生成，據其估計十溴二苯醚在該實驗系統中之半衰期 (Half-lives) 約為 700 天 (有馴養情況下) 及 1,400 天 (未馴養情況下) (Gerecke et al., 2006)。加州大學柏克萊分校之 Alvarez-Cohen 教授之研究團隊在 2006 年以 *Dehalococcoides ethenogenes* 195、*Dehalococcoides* sp. Strain BAV1、*Dehalococcoides ethenogenes* EC195、*Dehalococcoides* spp. (ANAS 菌群) 及 *Sulfurospirillum multivorans* (DSM #12446) 等菌株及菌群進行 DecaBDE 及 OctaBDE 生物降解實驗，發現所有實驗組均須經過約 3 個月後，方能見到較明顯之降解結果，經過連續 12 個月之實驗，*S. multivorans* 與 *D. spp.* (ANAS 菌群) 可部份降解 DecaBDE 及 OctaBDE，*S. multivorans* 可將 DecaBDE 降解為 Hepta-及 Octa-BDEs，但是 *S. multivorans* 無法降解釋商用八溴二苯醚混合物；相對地，*D. spp.* (ANAS 菌群) 則可將商用八溴二苯醚混合物降解為 Hepta-至 Di-BDEs，但無法降解十溴二苯醚(He et al., 2006)。該研究團隊針對微生物在厭氧條件下降解 PBDEs 之路徑歸納如圖 3-10 所示(Robrock et al.,



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

2008)。PBDEs 好氧生物分解方面，Schimdt 等人曾於 1992 及 1993 年以 *Sphingomonas* sp.對 PBDEs 之好氧生物降解進行實驗，發現 *Sphingo-*

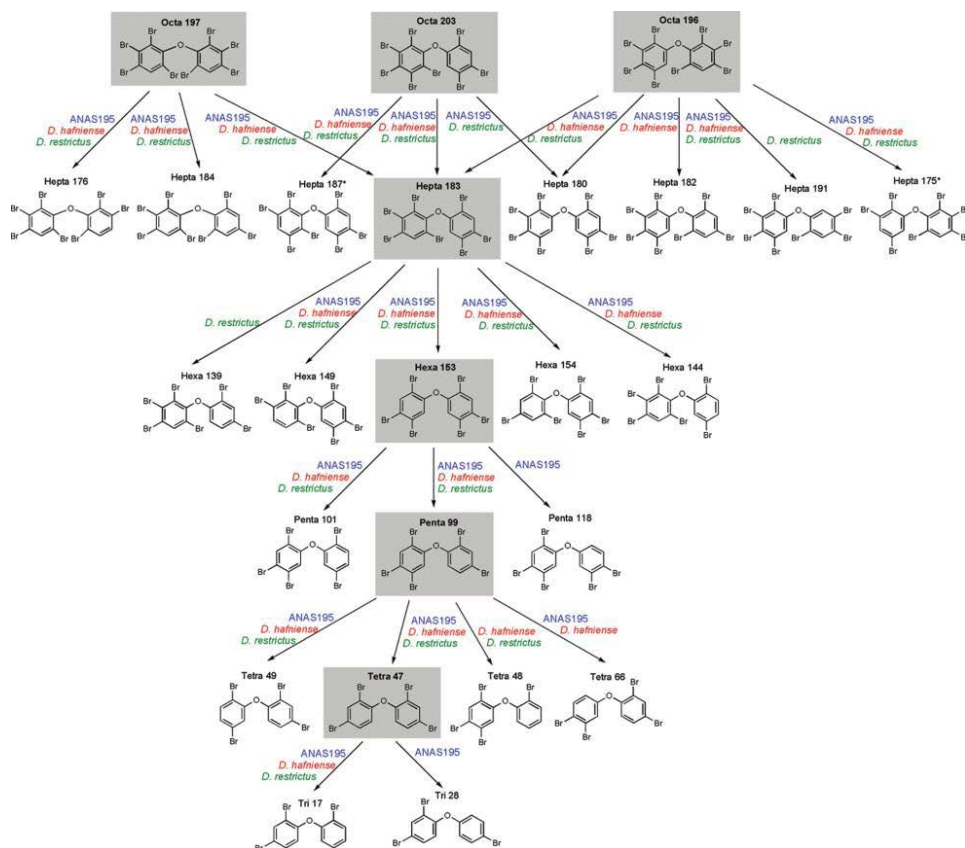


圖 3-10 PBDEs 厭氧生物降解之路徑，灰色網底者為實驗起始基質

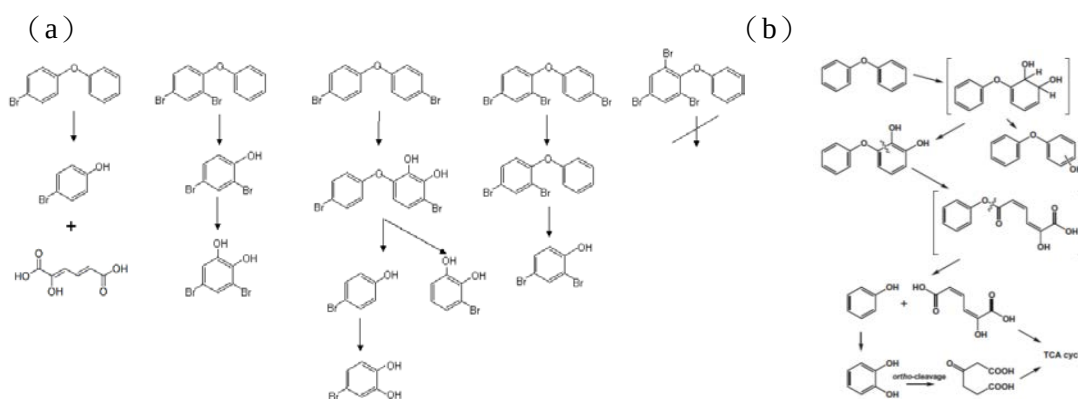


圖 3-11 PBDEs (a)及 BDE (b)在好氧條件下生物降解之路徑

monas sp.菌株群可有效降解一溴二苯醚及二溴二苯醚，*Sphingomonas* sp. SS3 可降解 4-單溴二苯醚而 *Sphingomonas* sp. SS33 可降解 4,4'-二溴二苯醚但無法以其為生長基質。該團隊復於 2007 年進行 *Sp* sp. PH-07 對 PBDEs 之好氧生物降解進行實驗（結果如圖 3-11 所示）。發現此菌株可部分降解 4-單溴二苯醚、2,4-二溴二苯醚、4,4'-二溴二苯醚及 2,4,4'-三溴二苯醚，但無法降解 2,4,6-三溴二苯醚。加州大學柏克萊分校之 Alvarez-Cohen 教授之研究團隊在 2009 年發表了好氧條件下分解四溴、



五溴及六溴二苯醚之結果，該團隊所使用之菌種為多氯聯苯分解菌 *Rhodococcus jostii* PHA1 及 *Burkholderia xenovorans* LB400、以及相關菌種 *Rhodococcus* sp. RR1 與乙醚分解菌 *Pseudomonas dioxanivorans* CB1190，結果發現前兩者皆可分解一至五溴二苯醚 *Burkholderia xenovorans* LB400 則可分解六溴二苯醚，溴數愈高分解程度愈低；後兩者則只能分解一至二溴二苯醚。比較此結果與國內張怡塘教授團隊之結果相較，張怡塘教授之菌群可分解 BDE-209(廖怡芬 et al., 2009)，此發現較中國大陸學者之發現更早。近十年來，東吳大學張碧芬教授團隊曾經研究紅樹林底泥中 BDE-209 降解，發現 *Anaeromyxobacter*、*Bacillus*、*Burkholderia*、*Brevibacillus*、*Clostridium* XI、*Clostridium* XIVa、*Clostridium* SS、*Mycobacterium*、*Pseudomonas*、*Rhodobacter*、*Sedimentibacter* 及 *Shewanella* 與 BDE-209 降解直接相關(Yang et al., 2017b)。而王姓學者在香港的底泥研究中也發現只有類似 *Dehalococcoides* 菌群與 BDE-209 之移除有顯著關聯(Wang et al., 2015)。

- (4). 非生物分解研究部分，加拿大之維多利亞大學 Whale 教授團隊曾在 2002 年針對 4,4'-二溴二苯醚進行光化學降解 (Photochemical degradation) 實驗，發現 300 nm 波長之紫外線可將 4,4'-二溴二苯醚光解脫溴為二苯醚，但不會形成聯苯類物質。Li 等在 2007 年曾以附著於樹脂上之奈米零價鐵進行 BDE-209 之分解研究，發現 BDE-209 可在八小時之後完全分解為較低溴數之溴化二苯醚，在五天以內所有七溴以上溴化二苯醚均已消失，其動力學探討結果為 Pseudo first order(Li et al., 2007)，此結果與國內台灣大學施養信教授在 2006 年以奈米零價鐵還原降解十溴聯苯醚之研究所得之結果相較，施養信教授研究團隊之結果似乎更佳(戴侑宗, 2006)。Keum 與 Li 於 2005 以非奈米尺寸零價鐵進行，但結果不盡理想(Keum and Li, 2005)。北京大學彭劍飛等則針對 BDE-47 在五種不同之自然土壤中之脫附進行初步研究(Peng et al., 2009)，中國學者以二氧化鈦附著於高嶺土進行降解反應，效果相當好，但要應用於底泥整治仍有障礙(An et al., 2008)，清華大學李等學者則以光降解界面活性劑中之 BDE-47 發現在 90 分鐘以內，可降解約 70% 總 PBDEs (含 BDE-47 及其光降解產物)。因此，國外文獻也尚無任何以奈米乳化液處理 PBDEs 之報導，本研究對國際間對於 PBDEs 污染底泥整治相關領域將具有重大貢獻。

目前針對底泥污染整治方面，國內技術發展尚處於嬰兒期，國外則有相當多場址已經進行整治，其中較為常見者有疏濬法 (dredging)、水域掩埋 (confined disposal facility)、自然回復 (natural recovery)、水下掩埋 (confined



aquatic disposal)、現址加蓋處理 (in situ capping) 及深海棄置 (deep ocean dumping)，如圖 3-12 所示(Adriaens et al., 2006)。較早期經常使用者即為疏濬法 (dredging)，此方法是將高污染濃度之底泥挖除，將其運送至合格處理機構處理 (如掩埋場) 或是經過處理後進行深海棄置，但此方法在挖除時容易造成高污染濃度之底泥揚起，隨河水向下游及側面擴散遷移，造成污染面積擴大。因疏濬法有上述缺點，故發展出就地掩埋處置法，亦即在高污染地點附近構築鋼筋混凝土結構，進行掩埋後即封閉之，可分為水域掩埋與水下掩埋，即受污染之底泥不再挖除處理，而是在污染地點附近進行最終處置，並未加以處理。自然回復法則是針對可以進行生物性或非生物性之自然降解者，方可使用。現址加蓋處理為近十年來國外應用最廣之方法，即在污染底泥之上方鋪設加蓋物，希望能夠降低底泥之生物可利用性與遷移擴散程度，通常在河道寬廣且流速較緩之情形下較為適用，因加蓋物容易受到下方厭氧微生物產氣作用之影響而鼓起或是受到洪水侵襲失去錨定而破壞。近年來也有在加蓋物下方加入奈米零價鐵進行主動處理之例子，稱之為主動式加蓋處理 (active capping)；此外，也有將飛灰或是活性碳吸附物質加入底泥中以降低其生物可利用性之研究(Burgess et al., 2009; Jonker et al., 2009)。但以台灣之

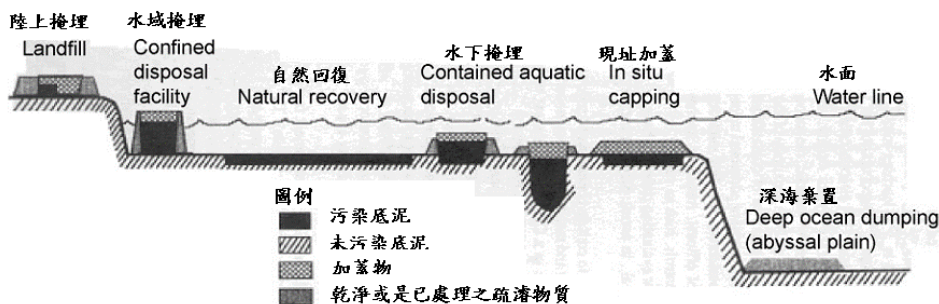


圖 3-12 國外目前所使用之底泥整治工法 (Adriaens, et al., 2006)

表 3-8 目前國際間使用之底泥整治方法在台灣之適用性評價

整治方法	對我國河川底泥之適用性				整體 評價	備 註
	河道 狹小	坡陡 流急	暴雨 頻繁	污染 廣泛		
疏濬法	中	低	低	低	低	高濃度大範圍污染，後續處理成本過高且可能擴大污染。
水域掩埋	低	中	中	低	中低	河道狹窄而不適用。
自然回復	中	中	中	中	中	因河川底泥污染物通常為難分解污染物。
水下掩埋	中	低	中	低	中低	河道狹窄且淺故較不適用。
現址加蓋	中	低	低	中	中低	因坡陡流急及暴雨容易損壞。
吸附物	中	低	低	中	中	因坡陡流急及暴雨容易冲刷流失，除非如本計畫所使用之奈米氧化鐵具有快速動力學及可進行磁性回收之特性。
深海棄置	中	中	中	低	中	我國政策不鼓勵海洋棄置之最終處置且疏濬時可能擴大污染。
ISPIE/BIRD	高	中	中	高	高	



河川多為河面狹窄，坡陡流急，且每年均有數次颱風及較高頻率之暴雨侵襲之氣候條件，以上方法大多無法有效適用，茲列表如表 3-8 所示，故應另謀有效積極之處理方法。

3.4. 目標及內容

本計畫為 2 年期計畫之第 2 年計畫，目標及內容簡述如下。

- 3.4.1. 底泥採樣、分析與菌群馴養：在進行現地模場試驗前，需先採集現地樣品進行化學分析並進行菌群馴養，以了解目前污染現況及預備 BA 所需之菌群。
- 3.4.2. 模場設計與設施安裝：模場試驗前，須先完成模場實驗設施之設計以及現地之安放與安裝。
- 3.4.3. ISPIE 操作：此部分包括乳化液之配製、現場底泥之均勻化、6 英吋 PVC 專用管之製作、ISPIE 操作以及上下部位之底泥進行分裝。
- 3.4.4. 現場 BiRD 試驗：將分裝好之上下部底泥攜帶至南崁溪之現地模場試驗之場址進行安放，需先將外圍之 8 英吋管進行安放，再陸續將已將裝好之 1.5 英吋 PVC 管（內裝盛有底泥之玻璃管）進行安放。依照預定之時間進行採樣與現場水質數據量測。完成現場所有採樣之 DNA 萃取後，將所有樣品送往已簽約之永馥公司進行 TGS 定序（一般需要 60 日曆天），最後則是完成模場復原（作業程序見附件三）。
- 3.4.5. 人工智慧機器學習：依照原定之 7 次採樣檢測記錄，將可完成 21 組部不同時間點之組合（即 7 組中任取 2 組之可能組合數），此外每一組中有 48 個測值（即 WBK、WNR、WBS、WBA、FBK、FNR、FBS、FBA 共 8 組，每組有三重複與上下兩部為之樣品， $8 \times 6 = 48$ ）共有 $21 \times 48 = 1,008$ 個組合可供進行人工智慧之機器學習。目前預計進行至少 2 種模式之機器學習。由於資料量較大，故將原本之進度往前提前 2 個月開始進行。除了 ASVs 之外，也將針對水質資料進行分析。
- 3.4.6. 成果發表與報告撰寫：將完成期中報告、台越線上研討會、環工年會論文、環管署成果發表與期刊論文發表（本計畫之品保品管程序見附件四）。
- 3.4.7. 第 2 年計畫完成期末報告：按原訂計畫進度完成期末報告。



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



第4章. 研究方法與過程

章節摘要：本章針對本計畫相關研究方法與過程，如底泥樣品分析、菌種馴養、實驗室分析、管柱內相反轉回收實驗、管柱內加蓋處理實驗、加蓋後持續監測實驗、成果發表與報告撰寫以及工作進度與甘特圖進行介紹並分段說明。

4.1. 研究方法及原因

本計畫為2年期計畫，以下敘述第2年計畫施行方法，協同計畫主持人吳俊霖老師則是負責人工智慧機器學習部分。計畫主持人則是負責整體計畫構思、實驗設計、實驗室內所有實驗測試之監督執行、資料分析及成果彙整，並且居間調整整體計畫之順利進行。除開會進行研究協調及進度查核外，也建立專屬 Line 群組以便隨時聯繫協調。第2年部分將依序說明模場試驗底泥採樣與菌種馴養、底泥均質化、菌種擴大培養、ISPIE 操作、BiRD 採樣與監測、化學分析、生物分析、TGS 與深度學習等。綜合以往現地模場試驗之經驗，主要之改進有三點，一是在實驗之前的充分均勻化，以往因為未充分均勻化，導致每次採樣分析的起伏過大，所以此次在試驗開始之前，確定將所有底泥先進行充分之均勻化；二是為避免在現場河床停留時間太久，所以以預先裝填好之玻璃管裝填進行試驗，每次到現場只要將模場中已經標示好的組別進行水質量測以及提取各個組別的樣品即可；三是以玻璃管裝填，避免 BDE-209 因高 K_{ow} 值吸附於 PVC 管壁內面而可能造成之誤差。第2年計畫之研究流程如圖4-1所示。

4.1.1. 底泥採樣與菌群馴養

4.1.1.1. 底泥採樣

依據環境部底泥採樣方法（NIEA S104.30C）進行底泥表面下 0-15 公分之採樣。抓取採樣以一般不鏽鋼製勺子進行採樣，土心採樣工具以計畫主持人實驗室所自行組裝之管柱採樣器進行。此採樣器構造簡述如下，採樣管之管柱材質為透明 PVC 管，上方有加裝一逆止閥，供壓入採樣管之河水流出且採樣管柱仍可順利壓入底泥。管柱直徑為 1.5 英吋，為避免因 PVC 材質對有機物檢測結果之影響，樣品在現場除進行加藥與並立即加蓋保持厭氧外，待運送至計畫主持人實驗室時，當日即於厭氧箱中進行樣品分裝，以 1 英吋不鏽鋼套環套於管柱之一端，並將底泥推出，於推出過程中，切除外部與 PVC 接觸之底泥或土壤作為重金屬分析之用，內部之未接觸底泥或土壤則作為分析有機物之用。



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

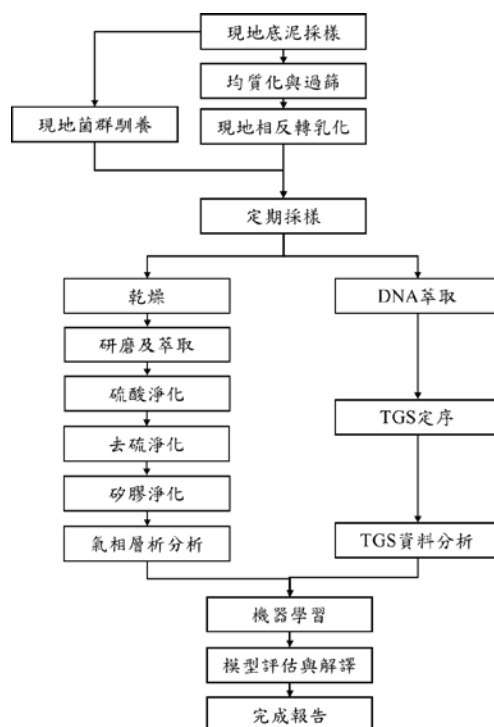


圖 4-1 第2年計畫之研究流程

4.1.1.2. 底泥均質化

採回所需要之底泥後，先去除明顯塊狀物與雜物（如明顯之蘆葦、雜草、塑膠袋、碎磚等），才進行均質化之攪拌。由於現地底泥均質性相當低，為避免現地試驗結果差距過大，機器學習效果不佳，必須充分均質化；但在均質化過程中，必須避免曝氣，所以攪拌之速度必須緩慢。由於 BDE-209 之亨利常數 K_H 值甚小，在攪拌過程中不會散失，故可進行長時間之攪拌。於不銹鋼桶中（避免 BDE-209 吸附）在南崁溪水覆蓋之情形下進行緩速攪拌均勻，避免曝氣，然後置於室溫下備用（以避免溫度差異造成菌相改變，因為接近室溫之低溫較有利於降解苯環污染物之菌群存活）。

4.1.1.3. 菌種擴大培養

由於模場試驗所需之菌量較多，必須另行擴大培養，方能符合所需。此部分培養提供與現場相似之 BDE-209 濃度與相應之重金屬濃度壓力以進行馴養。目前已經開始馴養，預計可在 10 月中前完成。培養方式如下：微生物馴養：由於此實驗室是以多次相反轉並監測後續 POPs 降解效果，故必須由土壤中萃取現地微生物進行馴養，微生物增殖馴養方式簡述如下：自第一年實驗室規模實驗所獲得之適合之微生物培養至至少 2.0 L 且達至少 10^6 cells/cm³ 之細胞濃度，因為生物加強（bioaugmentation）方式進行者所需使用之 6 個柱狀管中至少含有 25 公升之孔隙水，為確保植種至少可達 10^5 cells/cm³ 之細胞濃度，故須先預備較多之菌種，簡述如下：微生物馴養部分分為兩部分菌群，一種是利用乳化液成分馴養之降解



菌群，另一種是以乳化液進行厭氧暗發酵之菌群，前者以厭氧培養基成分為 1.0 L 去離子水中加入 0.350 g 的 KH_2PO_4 、0.27 g 的 K_2HPO_4 、2.70 g 的 NH_4Cl 、0.10 g 的 $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 、0.10 g 之 $\text{MgCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 、0.020 g 的 $\text{FeCl}_2 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$ 、5.0 g 之 Yeast Extract 以及 0.0050 g 之 Resazurin sodium (redoxdye)，並加上 3.0 mL 之 vitamin solution 及 10 mL 之微量元素溶液。使用時是將 1.80 mL 之 S1、2.20 mL 之 S2、0.67 mL 之 S3 與 2.40 mL 之 S4 混合並加入 12,000 mg/L 葡萄糖(作為碳源)與 4,000 mg/L 蛋白胨配製成 1.0 L 產氫用之基質。首先將收集熱篩完成之菌群菌體，以冷凍控溫離心機於 4°C、6,000 rpm 下離心 15 min 收集菌體，倒去上層液後，隨後以 PBS buffer 或生理食鹽水以再懸浮與再離心方式清洗菌體兩次，清洗目的在於洗去殘存於菌體外的有機物質以免影響後續實驗結果。隨後以上述測試基質懸浮菌體，並調整 OD 600 值至實驗起始值，將菌液分裝於 125-mL 血清瓶中，每瓶裝填 40.0 mL，以橡膠墊片與鋁蓋密封血清瓶，再以氮氣置換瓶中之瓶頂空氣以模擬厭氧環境。馴養完成與否應依總菌數增加且污染物下降來決定。

4.1.1.4. 總菌數量化方法

係依照總菌數濾膜法進行，將培養之菌液稀釋至適當濃度範圍後，加入螢光染劑 PicoGreen[®]以 TEA 緩衝溶液 (10.0 mM Tris-HCl, 1.0 mM EDTA, pH 7.5) 稀釋 200 倍後，添加 10.0 μL 至 1.0 mL 之稀釋底泥水樣混合均勻，恆溫 35°C 反應 30 min。接著將濾紙及濾膜放在過濾裝置上之孔槽，用濾板夾緊固定後，使用真空泵浦抽乾濾膜上之水樣，並用無菌水重複潤洗且抽乾，使染色菌落完全過濾於濾膜上。將濾膜至於載玻片上，以螢光顯微鏡計算濾膜上之菌落，以上操作過程皆須避免光線照射，當總菌數達 10^6 cells/mL 以上，才能進行下一步模場試驗之植種。

4.1.2. ISPIE 操作

4.1.2.1. ISPIE 乳化液製作

本實驗室目前有超過 20 種乳化液配方，具有不同之相反轉溫度，在本研究中，為 ISPIE 操作製備了食品級大豆油乳化液。大豆油 (貨號 0102010005，台糖公司，台灣) 購自當地超市，所有表面活性劑均為非離子表面活性劑- Span 80、Tween 20 和 Tween 80 - 購自 Sigma-Aldrich (85548、P1379 和 P1754，Sigma-Aldrich, Saint Louis, USA)。將 Span 80、Tween 20 和 Tween 80 以 1:2:1 的比例混合 30 分鐘。在將水、大豆油和界面活性劑以 44:1:10 的比例混合。如果將混合物加熱至高於該系統的 PIT (約 70°C) 以上，乳液就會變成 W/O 乳液。冷卻後，該乳化液的相反轉形成 O/W 乳化液，油滴尺寸確定可以小於 300 nm (有時小於 100 nm)，可以輕鬆地穿過底泥中的孔隙 (Chang et al, 2014)。



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

4.1.2.2. ISPIE 操作

完成裝填之容器即進行相反轉試驗，乳化液之製備將利用本實驗室所擁有之大型高速攪拌器（30 公升）及輔助加熱設施，進行乳化液灌注與流洗回收，反覆冷卻及加熱次數依據實驗室最佳化實驗結果而定，追加水至少 4.0 孔隙體積（pore volume, PV）。完成追加水流洗後，針對生物放大之組別進行微生物添加，以滅菌之大型針筒及長約 30 公分之不銹鋼針管進行至少 9 點且 3 個不同深度之注射加入，加入後僅以手工擾動以維持盡量與未加入微生物之組別較接近之情況下進行試驗。將底泥壓實後，在上方覆蓋約 1-2 公分洗淨石英砂避免底泥沉降增加污染物濃度或是管柱中之污染物直接擴散進入水相而造成結果過分樂觀。

4.1.3. BiRD 監測採樣分析

監測採樣頻率依照以往模場試驗之方式，初步預計採樣時間預計為 0、14、28、42、56、70 與 84 天（會視實際潮水時間調整），第 0 天之採樣其實分為 ISPIE 前與 ISPIE 後，其後採樣間隔為 14 天，採樣頻率設定之目的也在於希望能夠使資料更符合機器學習之用。採樣方式即是將已經編號之置於 1.5 英吋之 PVC 管內之玻璃管取出即可（ISPIE/BiRD 標準作業程序見附件五）。

4.1.4. 模場試驗

先行設計模場所需要之一切設備，自行開發特定設備並且完工。為避免第 2 年現地模場試驗計畫受到不可抗力因素造成期程延宕，故必須於第 1 年計畫先完成所有現場設備之設計與完工。

4.1.5. 現場模場試驗設施構築

於專案進行前 2 個月前在實驗室完成所有模場試驗所需要之 8 吋大型管柱與 1.5 吋小型玻璃瓶管柱之裝配，設計圖詳見計畫書。於現地完成 2 個群集站點（A 點與 C 點），自行製作簡易設施，此設計之目的在於事前完善準備，縮短在河床上停留之時間。主要原因在於該河段河面寬廣，可達 150 公尺以上，距出海口僅 500 餘公尺，若有瞬間山洪爆發，恐造成意外，故改為在實驗室完成組裝之上下層底泥小型管柱，事先以 1.25 吋玻璃管進行填裝，屆時僅需依照背景組、自然回復組、生物刺激組與生物擴增 4 組（見表 4-1），各取 3 重複樣品攜回即可，預期停留在退潮後河面時間僅 10-15 分鐘，並且工作人員都會穿著救生衣進行採樣工作，以確保安全。預期每次採樣會有 $2 \times 6 \times 4 = 48$ 個樣品需要處理（以 2 個站點預估），預計 7 次採樣，約 330 個樣品需要處理（時間 0 之 WBK 與 FBK 因無 ISPIE 操作而無須分上下層採樣），較以往模場試驗樣品約多出 3 倍。故樣品前處理與分析費用較高（含底泥溶劑萃取、管柱淨化、濃縮等，約 30 萬元）以及選擇較



佳之樣品進行 TGS 定序。模場試驗之組別分為風化組與添加組，另每組在分為背景控制組、自然回復組、生物刺激組與生物擴增試驗組合，因此試驗組合共有 8 組，試驗組合如下表所示，W 代表風化，F 代表添加，BK 表背景 (background, BK) 組是未進行 ISPIE 操作，當作現場背景狀況下可能之降解情形；NR 代表自然回復 (natural recovery, NR) 組是經過 ISPIE 之後就置入河床中任由自然情況進行分解；BS 代表生物刺激 (biostimulation, BS) 是在 ISPIE 後推送 4.0 個 PV 的冷水，其中第 4 個 PV 推送之具有養分之基質刺激現地菌群進行 BDE-209 之分解；BA 代表生物擴增 (bioaugmentation, BA) 是在 ISPIE 推送 4.0 個 PV 的冷水，其中第 4 個 PV 推送具有養分之基質以及已經馴養之現地菌群，促進 BDE-209 之分解。

表 4-1 模場試驗組別

組別	ISPIE	最後 1 PV 添加	馴養菌種
背景組 (BK)	No	No	No
自然回復組 (NR)	Yes	一般水	No
生物刺激組 (BS)	Yes	營養液	No
生物擴增組 (BA)	Yes	營養液	Yes

4.1.6. 實驗室分析

實驗室分析分為物理性分析、化學性分析與生物分析，分述如下。

4.1.6.1. 物理分析

主要為粒徑分析與含水率分析，簡述如下。底泥粒徑分析已經完成，前期土壤粒徑分析也已經完成。若有是新土壤，本計畫使用普遍之土篩法進行粒徑分析，針對粉粒與黏粒以較容易進行之吸管法換算之(林佳燕 et al., 2009)。含水率分析依據環檢中心公告之「土壤及底泥水分含量測定方法－重量法」(NIEA S280.62C) 進行。

4.1.6.2. 化學分析

化學分析部分則針對 PBDEs 之分析方法分別說明如下。

4.1.6.2.1. 底泥及土壤前處理

取均勻混合之濕基底泥樣品以高壓溶劑快速萃取儀 (Speed Extractor, BÜCHI E-916) 進行萃取，萃取溶劑為正己烷：丙酮混合溶劑 (50:50 v/v)，萃取溫度為 100°C，萃取前加入內標準品作為回收率測定。PBDEs 樣品萃取溶劑為正己烷：丙酮混合溶劑 (75:25, v/v)，萃取溫度為 100°C，靜態萃取 13 分鐘，動態萃取 2 分鐘，萃取循環為兩次，萃取前加入內標準品作為回收率測定。針對底泥之處



南炭溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

理，應去除硫元素之干擾，因為上述萃取步驟將硫元素也一同萃取出來，而硫元素會嚴重干擾氣相色層分析儀電子捕捉檢測器（GC-ECD）分析。硫元素之去除以銅粉進行反應，混合1分鐘後分離萃取液與銅粉，並將萃取液移至乾淨的樣品瓶。完成去除元素硫之後，必須再進行清理步驟，此步驟在於去除樣品中可能存在之生物性巨分子（biological macromolecule）、磷脂及色素等，因為這些生物性分子仍可能干擾分析結果，此步驟通常以加入高濃度之硫酸達成，但並不適用於仍具有低反應性之 PAHs，較佳之處理方法為管柱層析法（column chromatography），此方法使用鋁化物與矽化物之凝膠進行層析。

4.1.6.2.2. BDE-209 檢測方法

經過上述步驟處理之萃取液注入 GC-ECD（Agilent Technology, Santa Clara, CA, USA）分析 BDE-209 濃度，主要參考環境檢驗所公告（NIEA T506.30B）之方法；使用之分離管柱為 DB-5HT (15 m×0.25 mm 0.1 μm film)，以 99.999%之高純度氮氣做為載流氣體，注射口溫度為 310°C，偵測器溫度為 340°C，烘箱升溫程序為初始溫度 150°C 維持 0.5 分鐘，接著以每分鐘 25°C 之升溫速率升溫至末溫 320°C 維持 5 分鐘，氣體流速為每分鐘 7.0 mL。

4.1.6.3. 生物分析

主要進行總菌數與第三世代定序（Third generation sequencing, TGS）菌相分析，以確認處理方式對於周遭微生物生態系之豐盛度之衝擊，實施步驟說明如下。總菌數分析先取適當之底泥於 15.0 mL 離心管中並加入 5.0 mL 之 PBS 緩衝溶液，以 Vortex 均勻混合後，取 1.0 mL 之混合液，再以離心取上層液 0.5 mL，再加入 0.5 mL 緩衝溶液，再混勻離心取上層液 0.5 mL，再加入螢光染料 PicoGreen®（P11496, Thermo Fisher Scientific, Waltham, Massachusetts, USA），並以 30°C 水浴 30 分鐘，使螢光染料與微生物雙股 DNA 結合，最後再以特殊濾紙與抽氣幫浦過濾樣品，完成過濾後，將濾紙存放在蓋玻片與載玻片當中並確實存放，當下操作須避免光線照射，最後再以螢光顯微鏡（Axiovert 200, Carl Zeiss, Germany）觀察並逐一將菌數數量統計。菌相分析說明如下

4.1.6.3.1. DNA 萃取保存

以第三代定序（Third generation sequencing, TGS）進行分析，以確認處理方式對於周遭微生物生態系之豐盛度之衝擊，分別說明如下。TGS 主要是先將核酸片段化，在同時進行大量的定序分析。首先將樣品進行核酸片段化 (fragmentation)、資料庫建立 (library construction)、高通量定序 (high throughput sequencing)、分析 (analysis)。由於可同時獲得已知或未知的 DNA 序列資訊，故常被應用在環境背景菌相調查。本實驗室僅進行 DNA 萃取步驟並確認。由於菌



數可能較少，有時需藉由離心濃縮來提高濃度以利 DNA 萃取，使用標準之 DNA 商用套組(Ultra Clean™ Soil DNA Kit MO BIO Laboratories. Inc)依其步驟進行 DNA 萃取，DNA 萃取物保存於-20°C 下。將萃取好的 DNA 樣品，先行以 NanoDrop2000 (Thermo Scientific, Wilmington, DE 19810 USA) 量測 DNA 濃度，確認送樣之 DNA 總量有超過 150 ng，並確保送樣之樣品品質；高通量定序分析委託外界生物科技公司進行定序分析，一次定序檢測需時約 1.5-2.5 個月方能完成。

4.1.6.3.2. 基因定序

此部分為委託廠商所進行，簡要說明如下。通過帶有條形碼的 16S 基因特異性引子擴增全長 16S 基因 (V1-V9 區域)。根據 Amplification of Full-Length 16S Gene with Barcoded Primers for Multiplexed SMRTbell Library Preparation and Sequencing procedure (Pacbio protocol) (Unknown, 2022)規範，每個引子被設計為包含具有 5'磷酸修飾的 5'緩衝序列(GCATC)，一 16 個鹼基條形碼和簡併 16S 基因特異性正向或逆向引子序列 (正向：5'Phos/GCATC-16 個鹼基條形-AGRGTTYGATYMTGGCTCAG -3'，逆向：5'Phos/GCATC- 16 個鹼基條形碼-RGYTACCTTGTT- ACGACTT -3')。簡併等式為：R = A, G； Y=C, T； M = A, C。簡而言之，使用 2.0 ng DNA 進行 PCR 反應，使用 KAPA HiFi HotStart ReadyMix (Roche 公司)進行 PCR，PCR 條件如下：95°C 3.0 分鐘；20~27 個循環 (取決於樣品)：95°C 30.0 秒，57°C 30.0 秒，72°C 60.0 秒； 72°C 5.0 分鐘，然後保持在 4°C。PCR 產物在 1.0%瓊脂糖凝膠上進行監測。選擇主條帶約為 1500 bp 的明亮樣品，並使用 AMPure PB Beads 進行純化，用於以下文庫 (library) 製備。MRTbell 文庫根據「多重 SMRTbell 文庫製備和定序程序的條形碼引子擴增全長 16S 基因 (Pacbio Protocol)」製備。簡而言之，每個帶條碼的 PCR 的莫耳數相等匯集產物，並使用 500-1000 ng 匯集的擴增子樣品進行 DNA 損傷修復，然後進行末端修復及 A 加尾和連接步驟，將通用髮夾接頭引入雙鏈 DNA 片段上。使用 AMPure PB Beads 純化以去除接頭二聚體後，將 SMRTbell 文庫與定序引子 V4 和 sequel II Binding Kit 2.1 一起培育，以進行引子對接和聚合酶結合。最後，在 PacBio Sequel IIe 儀器上以循環共有序列 (CCS) 模式進行定序，生成預測精度為 (Phred Scale) = 30 的 HiFi 讀數 (見圖 4-1)。

4.1.6.3.3. 定序資料分析

此部分為委託廠商所進行，簡要說明如下。循環共有序列 (CCS) 讀數確定最小預測準確度為 0.9，官方設置的最小通過次數為 3，PacBio 的工作流程通過 SMRT Link 軟體。解複 (demultiplexing) 後，CCS 用 DADA2 (版本 1.10.1) 進一步處理以獲得具有單核苷酸分辨率的擴增子。DADA2 工作流程套件包括品質



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

過濾、去除複製、學習特定於數據集的錯誤模型、ASV 推理和

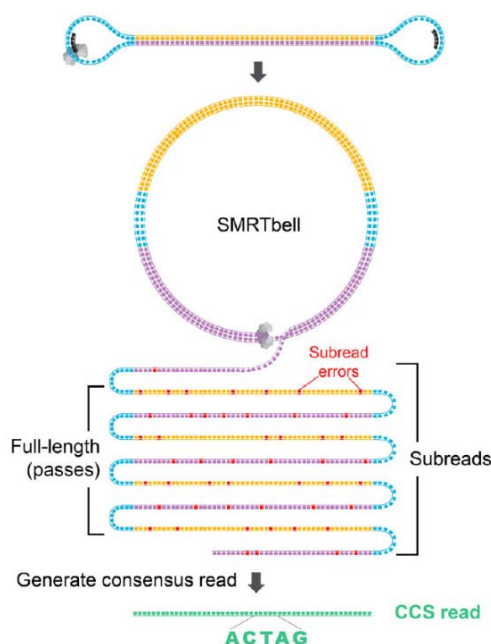


圖 4-2 CCS read 產出示意圖(Unknown, 2022)

嵌合體去除。這執行修剪和過濾，每次讀取最多兩個預期錯誤（最大 EE = 2）。DADA2 演算法可解析精確的 ASV 全長 16S rRNA 基因的單核苷酸分辨錯誤率幾乎為零。對於每個代表性序列，使用 QIIME2 中的特徵分類器和分類共識 BLAST 演算法來註釋分類（BLAST = Basic Local Alignment Search Tool，可譯為基於局部比對算法的搜索工具），根據 NCBI 數據庫中檢索到的資訊進行分類。

4.1.7. 人工智慧應用分析

4.1.7.1. 人工智慧應用分析與比對

模場試驗相較於第 1 年之批次試驗，雖然收集類似之資料，但是採用現場底泥之 2 個站點，底泥物化特性須另行測定，如粒徑分布、有機碳含量等，每次採樣也實際測量水質參數，同時就降解情況較佳之時間點進行 7 次之 TGS 分析（以符合一階反應之假設），較大不同在於不同站點之單一處理條件之水質參數有所不同，WBK 組、WNR 組、WBS 組與 WBA 組之原始菌相因已有原生菌群，而非全部均為馴養菌群，預期其結果與實驗室內之批次實驗研究成果應有相當不同；且在現場之環境為開放式環境，並非如實驗室之封閉環境，預期結果也會有所不同。將此數據集資料進行類似之機器學習之分析，應會獲得相當不同結果。以下針對機器學習部分進行說明。針對第 1 年批次與管柱實驗之 TGS 資料集不足，無法進行有效學習之問題，本年度進行以下改變，(1)將底泥徹底均質化，減少所使用底泥之非均質性（此部分已經在均質化部分詳細說明）；(2)將站點減少，



因為已經不再探討 BDE-209/汞之比例，故 2 站點即足夠；(3)將實驗對象減少，因為原本是同時進行新鮮添加之 FBK、FNR、FBS、FBA 與風化之 WBK、WNR、WBS、WBA，本年度計畫將縮減為只進行 WBK、WNR、WBS、WBA 共 4 組（因為機器學習無法有效分辨何者為新鮮添加或是風化且實際現場污染絕大部分為風化之場址），但在無法獲得較高濃度之風化樣品情況下，則以新鮮添加作為備案（目前做法是兩種均有）；(4)進行三重複及 7 次之 TGS 定序，預計可定序 336 個樣品，經過前處理，可產生約 1,008 個資料集，可產生足夠的訓練資料集與驗證資料集；(5)萬一仍無法產生有效學習結果情況下，以人工方式依據文獻資料挑選特徵，由固定特徵開始進行學習，而非以機器進行自動學習，即以類似專家系統之作法進行探討。

4.1.7.2. 資料前處理

首先，說明資料前處理部分，由以下微生物動力方程式，可推得 ASVs 之 Copy 數與污染物降解濃度間之關係，由於是在厭氧情況下進行還原脫溴之鹵呼吸反應（dehalorespiration）且因污染物濃度很低，故可依 $S \ll K_S$ 之情況進行推導。

$$\frac{1}{x} \frac{dx}{dt} = \mu = \frac{\mu_{max} S}{K_S} = kS$$

其中 x = 微生物細胞濃度（cells/L）也可等同於 ASV 的 copy 數， μ 為比生長速率， t 為時間（day）； S 為基質濃度，也等同於污染物之莫耳濃度（M）； μ_{max} 是最大比生長速率（1/day）； K_S 是半飽和係數。

$$k = \frac{\mu_{max}}{K_S}$$

且因污染物降解應遵循一階降解模式，故

$$\frac{dS}{dt} = -k'S$$

整理得

$$\frac{1}{x} \frac{dx}{dt} = -\frac{k}{k'} \frac{dS}{dt}$$

積分之

$$\int \frac{1}{x} dx = -\frac{k}{k'} \int dS$$

$$\ln x \Big|_{x_0}^{x_t} = -\frac{k}{k'} S \Big|_{S_0}^{S_t}$$

可得



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

$$\ln \frac{x_t}{x_0} = \frac{k}{k'} (S_0 - S_t)$$

所以，需將兩時間點之 ASVs 之 Copy 數之比值先取自然對數值，再配上特定污染物之莫耳濃度差，即可進行機器學習。如果不使用機器學習，而定序出 746 種 ASVs，直接以人力進行 746 種 ASVs 中任取 i 種進行迴歸計算，將有 3.70×10^{224} 種 ASVs 組合方式需要進行計算（如下），才能選出最佳之組合，這是人力所不能及，故需進行機器學習。

$$\sum_{i=1}^{746} C_i^{746} = 3.70 \times 10^{224}$$

4.1.7.3. AI 資料前處理

將上述步驟所得的資料，將其作切分，分為訓練資料及和測試資料集，切分比例為 8:2 或是 7:3。考慮到有些特徵(ASVs)在整批實驗中出現次數過少，即大部分時間未檢測到其 copy 數，會將其排除，以免影響機器學習，接著將每個特徵(ASV)進行正規化，目前是採用 Min-max scaling，其公式如下所示。

$$X_{new} = (X_{old} - X_{min}) / (X_{max} - X_{min})$$

做 Min-max scaling 能讓保持特徵範圍的一致性，避免不同特徵因為數值範圍不同而影響到機器學習。

4.1.7.4. 機器學習方式

模型選用部分是採用 Auto-sklearn 將處理好的資料讓機器自動搜尋最佳的模型（按：Auto-sklearn 採用元學習〔Meta Learning〕選擇模型和超參數優化的方法作為搜尋最佳模型的重點），自動化機器學習是目前機器較新的一個領域，此套件將主要機器學習中耗時過程自動化，譬如數據預先處理、最佳算法選擇、超參數優化調整等，在建立機器學習模型過程中，可節省大量時間。其中包括使用 15 個分類器、14 個特徵預處理方法和 4 個數據預處理方法，產生具有 110 個超參數的結構化假設空間。目前針對 TCE 降解資料所搜尋出的最佳模型是 Gaussian Process Regressor (GPR)，GPR 的優點如下：良好的預測性能：GPR 模型在處理非線性、非平穩、噪音較大的數據時表現出色；非參數性：GPR 是一種非參數模型，它不需要假設數據的具體概率分布，而是通過建立目標變量的概率分布來進行預測。次佳模型是 Random Forest Regressor (RF)，RF 的優點有易於衡量相對重要性，透過查看使用某特徵的節點來減少森林中所有樹木的雜質；可以很容易衡量出該特徵的重要性多功能，因為隨機森林可用於分類和迴歸分析，所以用途非常廣泛；不過度擬合並具高準確度。



4.1.7.4.1. 特徵挑選

因為特徵 (ASVs) 數量過多，為了使用較少的特徵來達到較佳的結果，先計算出每個特徵 (ASVs) 和預測目標 (污染物) 的相關性並根據相關性的大小做排序，再根據其相關係數所佔的比例進行挑選。每次挑選特徵後，進行機器學習根據其結果來決定其特徵是否重要。

4.1.7.4.2. 可能之限制

由於以上一階動力方程式推導皆基於單一污染物且污染物濃度相當低之情況下才能完全成立，但是底泥中污染情況複雜，可能同時有數種或數十種疏水之鹵化污染物，微生物並非倚靠單一 BDE-209 作為電子接受者生長。但因為 BDE-209 之 $\log K_{ow}$ 值最高 (接近 10.0，其他疏水污染物均在 7.0 以下)，故在油相中相對濃度應較高，可以相對地佔有較有利地位。

4.1.7.4.3. 驗證有效性

在機器學習有效性驗證部分，有兩種方式，本計畫預計使用 k 折交叉驗證 (k-fold cross validation)，k 值為 3-10 之間。此方式最適合用於資料樣本數較少，或想找到訓練效果較好之狀況。故本計畫採用 5 折交叉驗證進驗證。

4.1.8. 成果發表

成果發表部分含環境管理署成果發表中應完成之期中與期末報告、海報、簡報與論文各1份，SCI 期刊論文1份，國內外研討會論文各1份。

4.2. 工作進度與甘特圖

第 2 年計畫之工作進度與甘特圖如圖 4-2 所示，目前已經完成第 2 年計畫第 11 個月之進度，查核點 A 底泥採樣、分析及馴養，查核點 B 設施製作安裝，查核點 C 之 ISPIE 操作，查核點 F1 之期中報告均如期完成。期中報告後之查核點 F2 台越線上研討會目前已經於 113 年 6 月 14 日舉辦完畢，雙方超過 40 人參與，一項自辦之技術說明會也已經在 113 年 6 月 21 日完成，與會者超過 50 人，項目增加且進度超前。查核點 D 之 BiRD 現場試驗已經於 113 年 5 月提前完成，TGS 定序於 113 年 7 月底完成，查核點 E 之人工智慧機器學習已經於 9 月底前完成。查核點 F3 環工年會論文已經於 113 年 8 月投稿，且已口頭發表，進度均符合。目前 F4 環管署成果簡報、F5 期末報告與 G 結案均已完成。



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

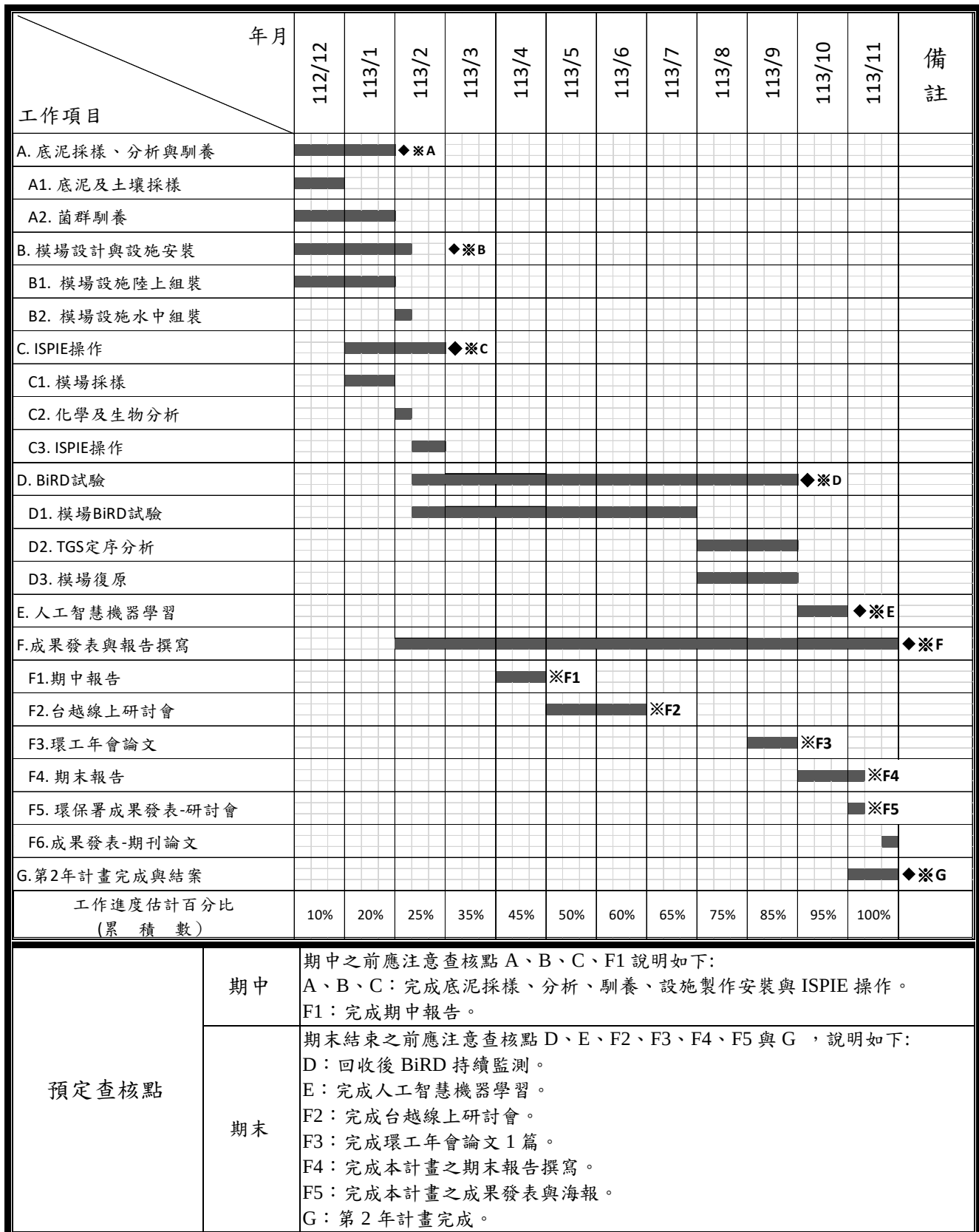


圖 4-3 甘特圖



第5章. 結果與討論

章節摘要：本計畫按預定期程第2年計畫完成工作項目為底泥採樣與菌群馴養、ISPIE 操作、BiRD 操作與監測、重金屬汞在 ISPIE/BiRD 過程監測、TGS 分析、人工智慧機器學習、舉辦台越研討會與協辦技術說明會。以下即就各工作項目之主要成果及發現分節敘述，所有原始資料請參見附件六，並於最後兩節敘述本計畫目前之結論與主要建議意見及未來或後續執行建議。

5.1. 底泥採樣與菌群馴養

為有充裕時間進行底泥採樣分析與菌群馴養，本團隊提前於 112 年 10 月 23 日即前往南崁溪之模場試驗場址進行底泥採樣（如圖 5-1），並自次日起即進行菌群馴養，在進行模場試驗前已經確認達到 10^8 cells/mL 且體積已達 2.0 L 以上，BDE-209 也確實有下降，表示所馴養之菌群可降解 BDE-209。今年計畫之底泥均質化較往年更加謹慎，因為模場試驗場址之底泥含有許多雜物且質地不一，可能混雜有礫石與團塊，均可能造成試驗之數據異常，故必須仔細進行均質化，首先是先將較大型之雜物去除，並以鑽機加上攪拌頭進行慢速攪拌，避免曝氣；最後是以 18 mesh（約 880 μ m）在溼底泥情況下直接推壓過篩底泥，可避免曝氣。相關之採樣與操作日期與照片詳見附件七。



圖 5-1 112 年 10 月於南崁溪進行底泥採樣



5.2. ISPIE 操作

經過均質化之底泥裝入 6 英吋之 PVC 管所設計製作的管柱，再以加熱至 PIT 溫度以上之 W/O 乳化液自底部灌注，經過 30 分鐘後，以冷水自底部進行降溫灌注，將上方富含污染物之乳化液去除，自管柱上方與下方取樣進行前處理與化學分析。

本模場試驗風化組管柱內之 BDE-209 經 ISPIE 技術之去除率如圖 5-2a 所示，而添加組之管柱內 BDE-209 經 ISPIE 技術之去除率如圖 5-2b 所示，標示中 Before 表示進行 ISPIE 操作前 BDE-209 濃度比例，以 100% 計算，After 表示進行 ISPIE 操作後 BDE-209 濃度相較於進行 ISPIE 技術前之比例，以 U 及 L 表示管柱之上層 15 cm 底泥及下層 15 cm 底泥。

風化組之上層底泥因 ISPIE 技術將原先 $14.9 \pm 7.9\%$ 之污染物去除，下層底泥去除 $29.0 \pm 9.9\%$ 之原先污染物，平均為 21.9%。而下層底泥污染物去除率較高之原因，推測是因為 ISPIE 操作方式是由管柱底部將高溫之奈米乳化液向上推入管柱內，故下層底泥比上層底泥更能完整的接觸水在油中乳化液，且下層底泥之溫度較上層底泥溫度高，在質傳上佔有優勢，此兩條件差異表示在下層底泥中乳化液接觸污染物的機率更高，且乳化液溫度高於相反轉溫度，可將污染物重新分佈於油水兩相，所以去除之機率也就越高，成效亦相對較好。

添加組之上層底泥因 ISPIE 技術將原先 $33.6 \pm 12.8\%$ 之污染物去除，而下層底泥則去除 $42.5 \pm 8.6\%$ 之原先污染物，平均為 38.1%。若與施行前濃度比較，上下層皆有統計意義之顯著差異 ($\alpha = 0.05$ 或 confidence interval = 95%)。下層底泥去除成效較佳之原因推論原因同風化組底泥。添加組去除效果優於風化組，推論其原因有二：一為風化之 BDE-209 強烈吸附於現地底泥有機質，添加組之 BDE-209 添加方式是將其溶解至二甲亞砜 (Dimethyl sulfoxide, DMSO) 再混入底泥，而 DMSO 具極性，可與有機溶劑及水互溶，故進行 ISPIE 時，除了受乳

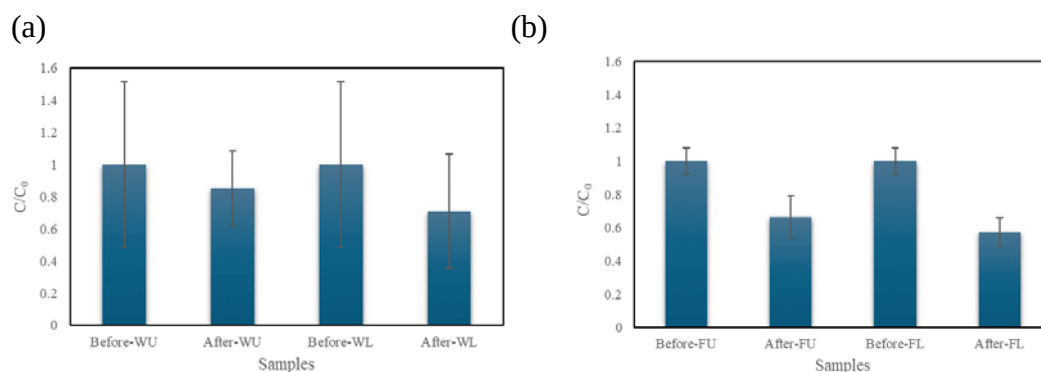


圖 5-2 模場試驗之風化與添加組進行 ISPIE 前後之 C/C_0



化液重新分布進入油相之污染物之外，溶解於 DMSO 相之 BDE-209 也可透過 ISPIE 操作之後續推進冷水步驟一同去除；另一原因為兩者濃度差異過大所致，風化組約為添加組的 1/54，在計算乳化液中有效溶解度時，添加組可能也是風化組的 50 倍左右。因此，添加組的 ISPIE 回收去除較高。

此研究結果相較第 1 年計畫中以摻配底泥（10%現場底泥+90%人工配製底泥）針對 BDE-209 進行 ISPIE 回收，獲得 22%之去除效果相似。此結果也應證了 ISPIE 技術用於南崁溪底泥中 BDE-209 效果不如二仁溪底泥中之 BDE-209 的 40%去除率(黃以倫, 2022)。

第 1 年計畫之管柱 ISPIE 回收測試部分結果如圖 5-3 所示，由圖中可觀察出經過 ISPIE 技術，風化組去除約 22%之污染物濃度 ($C/C_0 = 78\%$)，添加組去除約 15%之污染物濃度 ($C/C_0 = 85\%$)。若與圖 5-2 比較，可見此次之模場試驗所進行之 ISPIE 在風化組部份幾乎相同，但在添加組則是明顯較佳，其最可能原因為添加濃度不同，在第 1 年計畫之管柱實驗添加組之初始濃度為 5.0 mg/kg，但這此模場試驗之添加組的處始濃度為 34.1 mg/kg，故模場試驗之添加組在初始濃度較高情況下，雖然分子量仍大，但是足以提升其莫爾分率及其在油相中之有效溶解度，導致 ISPIE 之效果較佳。此外，模場試驗之底泥在施作前曾經高度均勻化，應該也是導致兩次 ISPIE 結果差異的原因之一；而且在現場整治前進行高度均勻化在工程上是可行的。

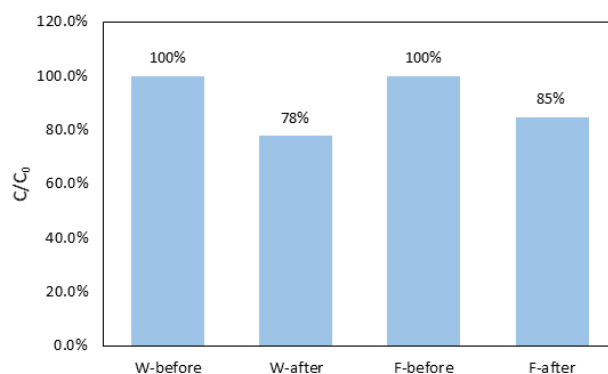


圖 5-3 管柱試驗之 ISPIE 前後之底泥中 BDE-209 濃度差異

5.3. BiRD 監測結果討論

後續將已經完成 ISPIE 操作的上半部底泥與下半部底泥裝入特定的 1.25 英吋之玻璃管中，再置入 1.5 英寸 PVC 管中，依序標示，再放入已經置入模場現場之 8 英吋 PVC 管中。之後，按照潮水可行時間到現場採樣（即潮水處於落潮時間且沙洲露出可步行抵達模場試驗場址之時間），先進行水質檢測後，再將各該實驗組之玻璃管柱攜回進行分析檢測。由於檢測之水質是將預定攜回之小型管柱內之



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

頂層水進行量測，故僅供參考(見圖 5-4)，此數值無法代表底泥內部之真實數值，但至少可代表現場之樣品所經歷之環境條件。由圖 5-4 可見，試驗期間，各實驗組合 pH 值大多落在 6.0-8.0 之間，屬於適合生物分解之範圍；溫度則介於 15.8 - 28.4°C 之間，除第 30 天的溫度偏低 (15.4-17.0°C)，其餘時間大多在 20°C 以上，尚屬適宜生物降解之區間，依據在二仁溪底泥模場試驗之經驗，即使河水溫度有大幅度變動，底泥具有相當大之溫度緩衝以及保溫能力，故實際溫度變動可能相對較小，緩衝保溫則是因為底泥中微生物分解污染物以及生長代謝散發熱量，且商長伴隨產氣造成氣泡蓄積於底泥中 (氣體之導熱差)，導致底泥中溫度可較低溫時溪水溫度高出約 2-3°C 以上；氧化還原電位除在第一天全部均為負值外，其後之數值大多偏正值，僅有少數有負值出現，可視為在 0 mV 上下變動，依據在二仁溪底泥模場試驗之經驗，底泥中 ORP 與上方水之 ORP 可相差 200-300 mV，故底泥中 ORP 可能始終都處於負值；DO 之變動相當大，除第一天上層水可視為

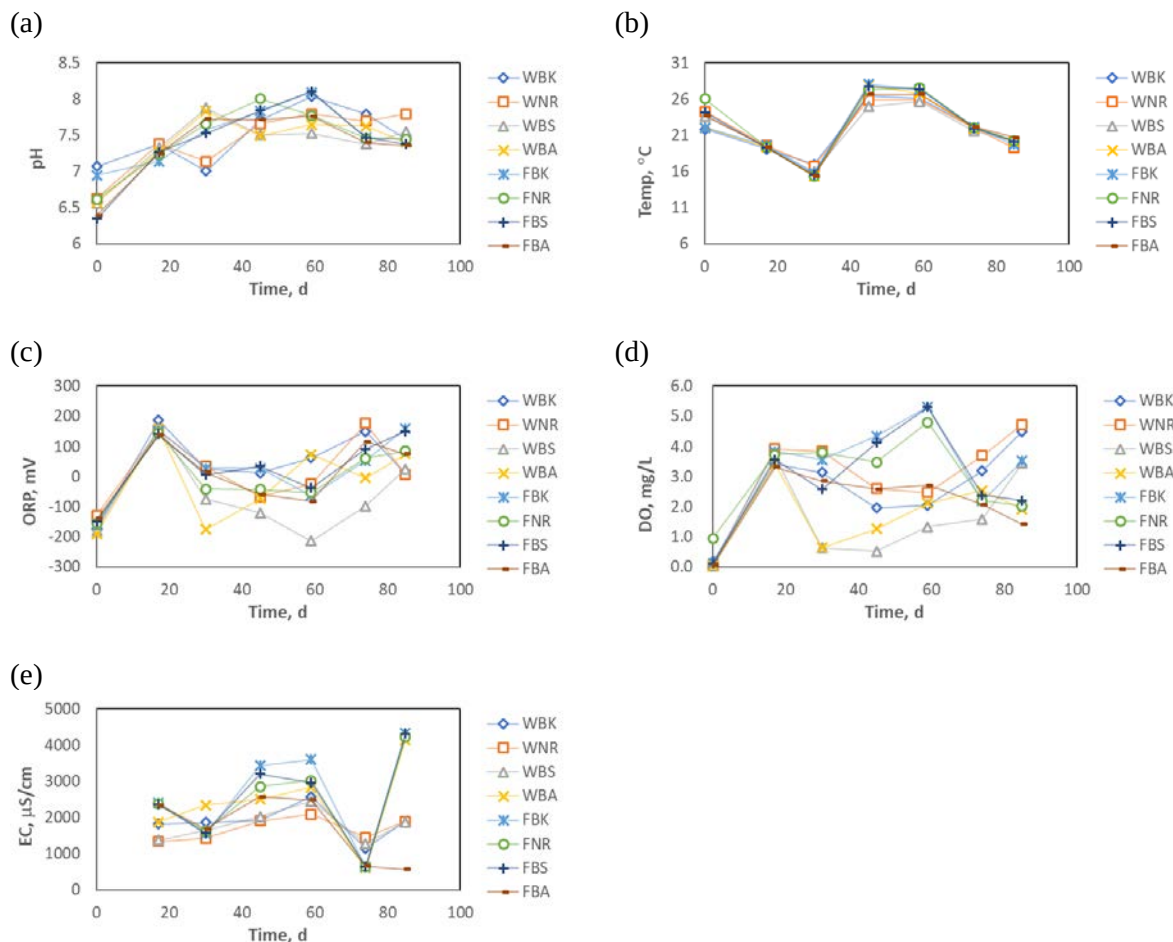


圖 5-4 模場試驗之水質參數監測

厭氧外，其他時間之河水均可視為好氧 (僅 WBS 與 WBA 有少數幾次可能處於厭氧狀態)，顯示南坎溪河水質尚可。導電度 (electrical conductivity, EC) 量測結果則可看出模場試驗現地因受到潮水影響導致鹽度有上下變動之情況，在剛開始



情況下，EC 值尚無明顯差異，但在相對試驗末期則是差異越來越大且兩組之數值各自收斂，其可能之理由是添加組與風化組是安裝在現場不同位置所致，即風化組偏上游（離出海口稍遠）以致 EC 較低，添加組偏下游（離出海口稍近）以致 EC 較高；此外，FBA 似乎有偏離為異常點（outlier）之現象。

BDE-209 之濃度變化如圖 5-5 所示，在不分組別情況下之 BiRD 結果，最終移除率最佳者為 FNR-L，次佳者為 FBS-L，再其次為 FBS-U，再再其次為 WNR-L，可見添加組在移除率勝過風化組，且深層底泥之生物降解效果較淺層為佳。若將添加組與風化組資料分別觀察，則 BDE-209 之濃度變化如圖 5-6。如圖 5-6a 所示，在風化組部分，可見 WBK-L 始終保持相當高濃度，沒有明顯降解；此外 WBS-U 與 WBK-U 在試驗後期有趨近原始濃度，顯示降解不佳。所有組別中以 WNR-L 降解程度最佳，在第 85 天可達 56% 去除率，其次為 WBS-L，但去除率僅 20%。若將之前 ISPIE 之去除率一併計算，則 WNR-L 及 WBS-L 總去除率各為 68% 及 43%。

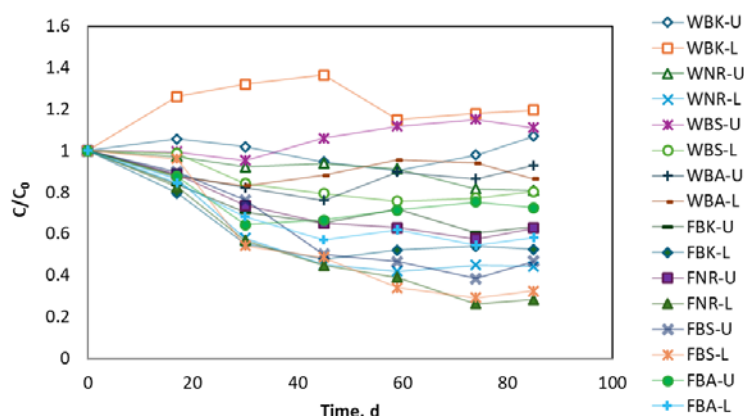


圖 5-5 全部 16 組樣品在 BiRD 階段生物降解濃度變化

在添加組部分如 5-6b 所示，可見所有組別在 14 天之內之濃度變化相對有限，但之後之變化走勢較為明顯，至第 85 天之結果，添加組中自然回復組的下半部底泥 FNR-L 濃度下降最多，可達 72% 去除率，次佳為 FBS-L，即添加組中之生物刺激組的下半部底泥，可達 67% 去除率。若將之前 ISPIE 之去除率一併計算，則 FNR-L 及 FBS-L 總去除率各為 84% 及 81%。由圖 5-6 可見，**風化組有較長之延滯期 (lag period)**，最可能之原因為風化組之 **BDE-209 濃度在現場底泥中可能較其他鹵化有機污染物濃度為低**，需要等其他污染物濃度降低之後才有機會被使用為電子接受者；另一可能原因則是風化組中的 **BDE-209 可能是屬於強烈吸附於底泥有機質之 BDE-209**，不易脫附並溶入所加入之乳化液中所致。總而言之，在第 85 天內之去除率已經相當可觀，且較實驗室中之批次實驗與管柱實驗之研究成果更佳（第 1 年計畫之批次實驗最佳去除率為 53%，管柱實驗最佳總



南炭溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

去除率為 59%)。

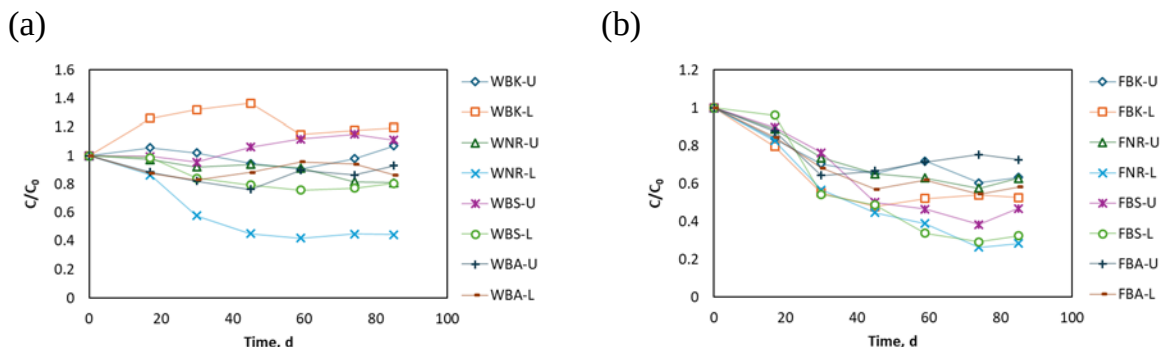


圖 5-6 模場試驗風化之 BDE-209(a)與添加之 BDE-209(b)不同深度降解情形

若假設 BiRD 遵循一階降解模式，可將各組之數據進行計算，則可得表 5-1。可見其中風化組仍以 WNR-L 最佳 ($k = 0.0103 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 67 \text{ d}$)，WBS-L 次佳 ($k = 0.0032 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 218 \text{ d}$)；添加組也仍以 FNR-L 最佳 ($k = 0.0162 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 43 \text{ d}$)，FBS-L 次佳 ($k = 0.0157 \text{ d}^{-1}$, $t_{1/2} = 44 \text{ d}$)；各自最佳與次佳之兩兩比較之差異可達 1.6 與 4.9 倍。若是將風化組與添加組之各自不同處理方式繪圖比較，如圖 5-7 所示，在風化組中以 WNR 最佳；添加組中以 FBS 最佳。可見，在不同的溪流中，均屬於感潮河段之污染，底泥中鹽度或許有所不同，但是風化之污染物，仍然是以自然回復(NR)最佳；而在添加組中，則是以生物刺激最佳。可見無論是風化(陳年污染情況)或是添加(新近污染情況)，均有較為經濟之整治方式。

表 5-1 各樣品組之一階降解速率常數與半生期

組別	$k (\text{d}^{-1})$	$t_{1/2} (\text{d})$	Ranking	總移除率
WBK-U	0.0002	3293	6	NA
WBK-L	NA	NA	NA	NA
WNR-U	0.0025	278	3	31%
WNR-L	0.0103	67	1	68%
WBS-U	NA	NA	NA	5%
WBS-L	0.0032	218	2	43%
WBA-U	0.0005	1366	4	21%
WBA-L	0.0004	1763	5	39%
FBK-U	0.0051	136	7	37%
FBK-L	0.0070	99	4	47%
FNR-U	0.0062	112	6	58%
FNR-L	0.0162	43	1	84%
FBS-U	0.0113	61	3	69%
FBS-L	0.0157	44	2	81%
FBA-U	0.0030	234	8	52%
FBA-L	0.0066	105	5	67%

此外，從資料數據中可觀察到未進行 ISPIE 之 WBK 與 FBK 組在第 85 天之

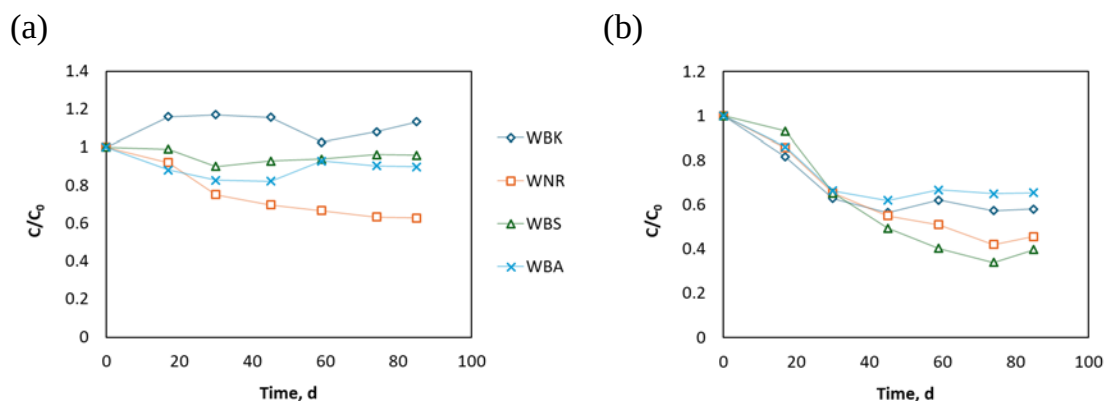


圖 5-7 模場試驗之風化之 BDE-209(a) 與添加之 BDE-209(b)不同組別降解情形

上下層底泥間之濃度相當接近，但是在有進行 ISPIE 之其他組別，則是上層明顯較高，故將其作圖如圖 5-8 所示。WBK 與 FBK 組比值均接近 1.0，其餘各組均大於 1.0，且添加組之 FNR、FBS 與 FBA 平均比值 (1.61 ± 0.30) 與風化組之 FNR、FBS 與 FBA 平均比值 (3.50 ± 1.08) 在信心度 95% 下，有顯著差異。此外，NR、BS 與 BA 之比值似乎有相似之趨勢，此三組中，不論是添加或是風化，均是 BA 組上下層最接近 1.0，其次為 NR，而 BS 之上下層差異最大。

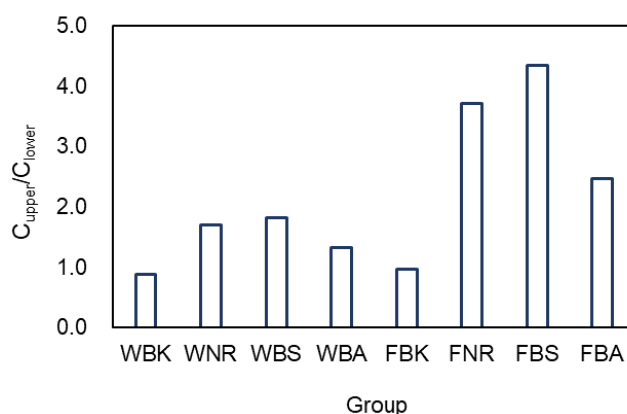


圖 5-8 模場試驗之不同組別上下層降解差異比較

5.4. TGS 分析數據討論

本研究於第 0、17、30、45、59、74 及 85 天進行樣品 DNA 萃取，每組樣品三重複，委託圖爾斯生物科技股份有限公司進行 TGS 分析。但由於資料量過於龐大，以下就研究組別分為風化組及添加組，針對實驗前期 (Day 0)、實驗中期 (Day 45) 及實驗後期 (Day 85) 之 TGS 分析結果進行討論，風化組 TGS 之 TOP 10 菌種相對豐度柱狀圖如圖 5-9 所示，添加組 TGS 之 TOP 10 菌種相對豐度柱狀圖如圖 5-10 所示。

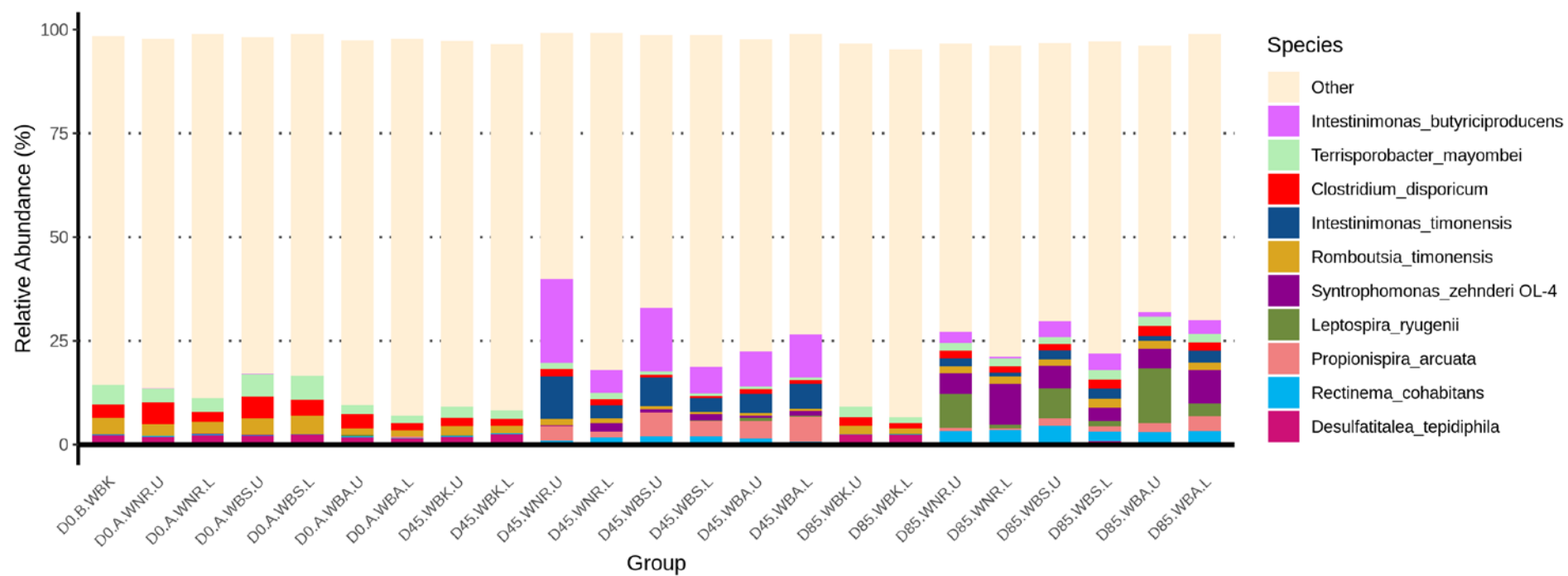


圖 5-9 模場試驗風化組 TGS 之 TOP 10 菌種相對豐度柱狀圖

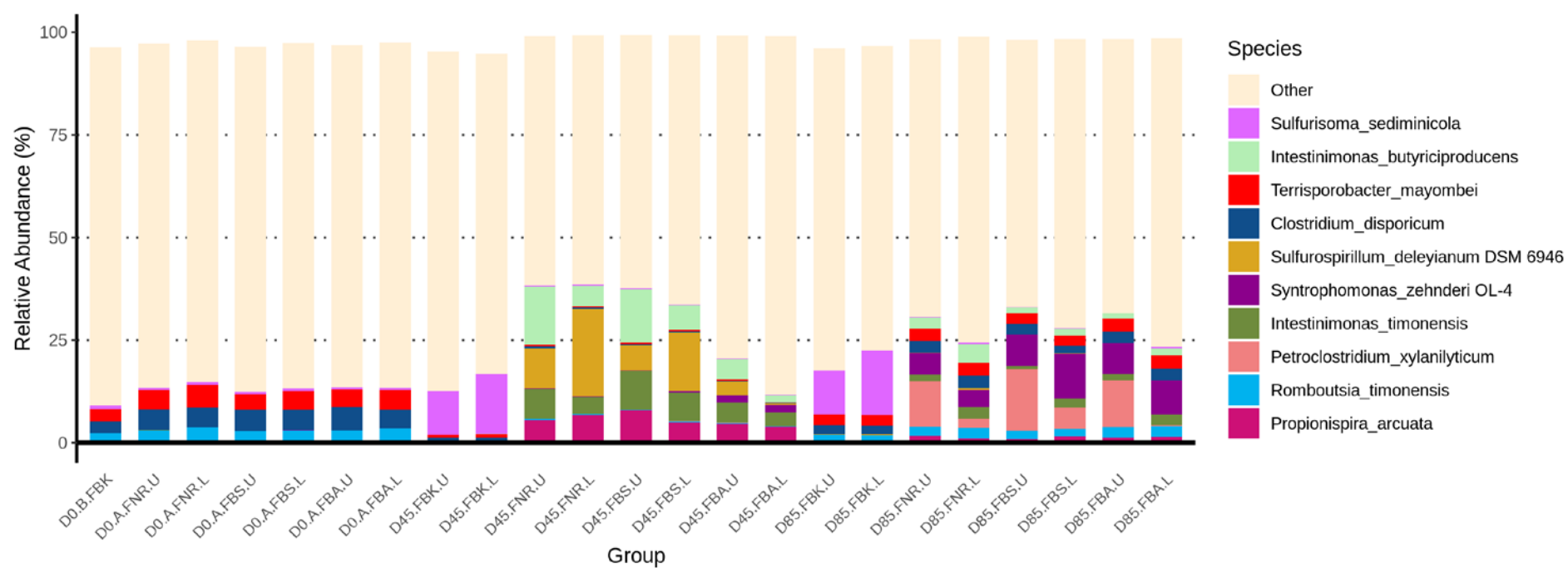


圖 5-10 模場試驗添加組 TGS 之 TOP 10 菌種相對豐度柱狀圖



Intestinimonas butyriciproducens 是一種於老鼠的腸胃道中分離出之革蘭氏陽性菌，具產孢子能力，不具運動性，桿狀且絕對厭氧之細菌(Klaering et al., 2013)。此菌株常存於人類與其他動物之腸道中，為第一個被發現能夠從離胺酸產生丁酸的物種，亦能夠將果糖離胺酸轉化為丁酸(Seegers et al., 2021)。據文獻報導，在以離胺酸（Lysine）為主要碳源的情況下，此菌能生長得更好，離胺酸轉化丁酸為腸胃道中第二主要的丁酸合成途徑(Belenguer et al., 2006)。

Terrisporobacter mayombe，文獻指出此菌種與 *Clostridium mayombe* 之特性相同(Gerritsen et al., 2014)，可參與**苯甲酸、氯化烷類、氯化烯類與萘**之生物降解(Kanehisa et al., 2022)。

Clostridium disporicum 為一種從老鼠的腸胃道分離出來之菌株，為呈現革蘭氏陽性、不具運動性、產孢子的絕對厭氧菌，在沒有可發酵之碳水化合物培養基中無法生長。其能利用碳水化合物作為生長及產酸的碳源，可產生**乙酸、乳酸、少量的乙醇及適量的氫氣**(Horn, 1987)。此菌所產生之乙酸與氫氣可供底泥中脫鹵菌群進行 BDE-209 降解之碳源與電子供給者(He et al., 2006)。

Intestinimonas timonensis 為一種從健康病患糞便標本中分離出來的菌株，呈現革蘭氏陽性、不產孢子且具運動性的絕對厭氧菌。有研究表明 *Intestinimonas timonensis* 與 *Intestinimonas butyriciproducens* 的 16S rRNA 序列具有 97.08% 的序列一致性，是具有有效名稱中的最接近的物種(Durand et al., 2017)。此菌可利用澱粉、硫化物與 L-絲胺酸（L-serine）產生**乙酸、丁酸、丙酸**、L-半胱氨酸與維生素 B2(Afrizal et al., 2022)，故可能有有助於 BDE-209 脫溴菌群之還原脫溴反應(He et al., 2006)。

Romboutsia timonensis 為一種從患有嚴重貧血及血便的男性之腸道中分離出來的菌株，細胞呈革蘭氏陽性且為絕對厭氧菌。此菌株能夠利用葡萄糖、蔗糖、果糖，發酵後產生**氫氣、二氧化碳、乙酸、乳酸**。此菌株與 *Romboutsia ilealis* 具有 98.5% 的序列一致性(Ricaboni et al., 2016)。*Romboutsia timonensis* 是一種從人類腸道中分離出來的革蘭氏陽性細菌。它可以發酵蔗糖、葡萄糖和果糖，產生乙酸、乳酸、H₂ 和 CO₂。人們發現 *Romboutsia timonensis* 是十二烷基苯磺酸鈉(SDBS)產酸發酵過程中的優勢物種之一 (Muhorakeye et al., 2022)，並且存在於可同時去除銨和錳的慢砂生物過濾器中 (Subari et al., 2018)。這種細菌也存在於降解石油的微生物群落中 (Hedao et al., 2018)，含有磺酰胺抗生素的消化池 (Saha et al., 2023) 以及低溫沼氣發酵系統中 (Yang et al., 2022)。



Syntrophomonas zehnderi OL-4 為一種從處理油酸鹽的厭氧膨脹顆粒污泥床反應器(EGSB)中分離出來之絕對厭氧菌，形成孢子、具運動性並對革蘭氏染色表現出不同的反應。據文獻報導，*Syntrophomonas zehnderi* OL-4 與 *Methanobacterium formicicum* 進行共培養時，可將具有偶數碳原子的飽和脂肪酸（碳原子數量 4 至 18）降解為**乙酸鹽**和甲烷，而飽和奇數脂肪酸（碳原子數量 5 至 17）的降解除除了乙酸鹽和甲烷之外將形成丙酸鹽，油酸為一種單元不飽和脂肪酸的能力也被降解為棕櫚油酸及亞麻油酸(Zhang et al., 2005)。學者 Sousa 等人發現電子接受者硫酸鹽、硫代硫酸鹽、亞硫酸鹽及硝酸鹽不協助此菌株的生長(Sousa et al., 2007)。根據研究表明，*Syntrophomonas zehnderi* OL-4 與 *Syntrophomonas wolfei* 的 16S rRNA 序列具有 94% 之一致性，並與 *Syntrophomonas erecta* DSM 16215T 的 16S rRNA 序列具有 93% 之一致性(Beaty and McInerney, 1987; McInerney et al., 1979)。

Leptospira ryugenii 是一種從日本靜岡縣靜岡市植物園收集的地表水中分離出來的好氧菌，螺旋體且呈現革蘭氏陰性(Masuzawa et al., 2019)。根據研究報導 *Leptospira ryugenii* 與 *Leptospira yanagawae* 的 16S rRNA 序列具有 98% 之一致性(Saito et al., 2013)。

Propionispira arcuata 為一種從處理養牛場廢棄物的產甲烷反應器的稻草殘留物中分離出的革蘭氏陰性菌，其呈彎曲桿狀、具運動性、不產孢子且為絕對厭氧菌，最適生長溫度為 35°C，最適生存 pH 為 6.7。其可有效利用碳水化合物作為碳源，包括核糖、果糖、半乳糖、葡萄糖、甘露糖、蔗糖、果膠和甘露醇；部分利用有機酸作為碳源，包括丙酮酸、富馬酸、琥珀酸和蘋果酸；無法利用木糖、纖維二糖、乳糖、麥芽糖、肝糖、纖維素、澱粉等醣類及乳酸鹽。可透過發酵產**乙酸鹽及丙酸鹽**但不產生氫氣。根據文獻表明，在濃度 10 g/L 之胰蛋白酶及濃度 5 g/L 之酵母萃取物培養基中培養 48 小時前後皆無檢測到硝酸鹽還原活性(Ueki et al., 2014)。

Rectinema cohabitans 為一種從茶降解、硫酸鹽還原的富集培養物 N47 中分離出來的菌株，而 N47 是從德國斯圖加特附近受污染的含水層的土壤中富集的(Meckenstock et al., 2000)。*Rectinema cohabitans* 為絕對厭氧菌，其不具運動性，呈現革蘭氏陰性。根據研究表明其可利用碳水化合物作為碳源，包括 D-葡萄糖、D-果糖、L-果糖、D-半乳糖、乳糖、乳果糖、蔗糖等醣類及丙酮酸；甘露醇和甘油則不可被利用(Koelschbach et al., 2017)。此菌株為 *Spirochaetaceae* 科，根據報導，同為 *Spirochaetaceae* 科之 *Sphaerochaeta globosa* Buddy^T 和 *Sphaerochaeta pleomorpha* Grapes^T 皆從有機鹵化物呼吸菌群中被分離出來(Ritalahti et al.,



南炭溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

2012)，而同為 *Sphaerochaeta* 屬的物種通常與 *Dehalococcoides* 屬的物種共存 (Koelschbach et al., 2017)。此外，經常可以在具有碳氫化合物或氯化化合物污染之地點發現 *Spirochaetaceae* 科的微生物 16S rRNA 基因序列，但 *Spirochaetaceae* 科的微生物生態功能仍無法確定 (Men et al., 2013)。*Rectinema cohabitans* 是一種從能夠降解萘的微生物群落中分離出來的嚴格厭氧細菌 (Koelschbach et al., 2017)。這種細菌是在五氯酚廢水的微生物組中發現的 (Muhamad et al., 2021)。*Rectinema* 屬中也有多種可以降解 TCE 的菌群 (Tomita et al., 2022)。

Desulfatitalea tepidiphila 為一種從日本東京灣海洋底泥分離出來的革蘭氏陰性菌，為具運動性之厭氧桿狀菌，生長溫度範圍為 13-45°C，pH 範圍為 6.2-7.9，屬於硫酸鹽還原菌。此菌株無法利用硝酸鹽作為電子接受者，可利用硫酸鹽做為電子接受者，並利用甲酸鹽、乙酸鹽、丙酸鹽、正丁酸鹽、丙酮酸鹽、富馬酸鹽、酵母萃取物和乳酸鹽用作電子供給者及碳源，但其無法利用葡萄糖、乙醇、甲苯、苯、鄰二甲苯、間二甲苯、對二甲苯及正己烷 (Higashioka et al., 2013)。有文獻針對位於日本北海道釧路居民區的優養化分流湖中水體進行硫酸鹽還原菌分佈研究，發現 *Desulfatitalea tepidiphila* 的存在 (Kubo et al., 2014)。根據文獻報導，硫酸鹽還原菌可利用部分有機化合物和氫作為電子供給者，通常對分子量較低之有機化合物具有較佳之降解效果 (Higashioka et al., 2011)。具有參與**氨基苯甲酸酯、氯烷烴和氯烯烴、硝基甲苯和萘降解**的功能基因 (Kanehisa et al., 2022)

Sulfurisoma sediminicola 是一種從日本琵琶湖底泥分離出來的革蘭氏陰性兼性厭氧菌，溫度低於 34°C 的情況下生長，可生長的 pH 範圍為 6.8-8.8。此菌株可利用硝酸鹽及氧氣作為電子接受者，可利用醋酸鹽、乳酸、富馬酸鹽、琥珀酸鹽、丙酸鹽、丙酮酸、苯酚、甲苯、氫氣當作電子供給者 (Kojima and Fukui, 2014)。此菌株屬於 *Betaproteobacteria* 綱，*Betaproteobacteria* 綱具有相當不同之生理特性，據文獻報導，*Sulfuritalea hydrogenivorans* 從能夠在兼性厭氧條件下依賴硫和氫進行自營生長，並可利用有機酸作為碳源生長 (Luo et al., 2011)。此菌株與 *Georgfuchsia toluolica* 的 16S rRNA 序列具有 96.2% 之一致性，為與其最親近之一菌株，但特徵有很大的不同，*Georgfuchsia toluolica* 為一種絕對厭氧菌，能夠透過還原 Fe^{3+} 或硝酸鹽來降解芳香族化合物 (Weelink et al., 2009)。*Sulfurisoma sediminicola* 可在活性污泥中富集，**降解鄰苯二甲酸酯 (PAE)** (Hung et al., 2023)。Wang et al. (2020) 發現透過添加硫酸鈉和麥稈，硫化菌屬在被鎘 (Cd) 污染的土壤微生物中富集。一些研究發現，硫磺菌屬可以減少高氯酸鹽 (Wan et al., 2019)，該物種**可能在新鮮 BDE-209 (而不是風化 BDE-209) 的生物降解中發揮更重要的作用**。



Sulfurospirillum deleyianum DSM 6946 是一種從德國布倫瑞克地區的森林池塘底泥中分離出來的革蘭氏陰性菌，為不產孢子，不具運動性之兼性厭氧菌，其能夠在 1-4% 的氧氣條件下微需氧生長，但在 21% 的氧氣條件下則無法生長 (Schumacher et al., 1992)。此菌株能夠以氫氣、甲酸、富馬酸鹽和丙酮酸鹽作為電子供給者及碳源，能夠以硝酸鹽、亞硝酸鹽、亞硫酸鹽、硫代硫酸鹽、元素硫、二甲亞碲等物質作為電子接受者 (Sikorski et al., 2010)。根據研究報導硫還原細菌 *Sulfurospirillum deleyianum* 不能直接利用 Fe^{3+} 作為電子接受者 (Luijten et al., 2004)，但將硫代硫酸鹽作為電子接受者時，導致環境中水鐵礦減少 (Straub and Schink, 2004)。學者 Lohmayer 等人發現 *Sulfurospirillum deleyianum* 能夠以硫代硫酸鹽作為唯一的硫源生長，且硫代硫酸鹽能夠完全被還原為硫化物，而中間產物為元素硫及多硫化物 (Lohmayer et al., 2014)。

Petroclostridium xylanilyticum 為一種是從嗜熱且產甲烷的十六烷降解培養物中分離出來的菌株，此培養物是從中國勝利油田的一個含油污泥處理廠取樣而得 (Cheng et al., 2013)。*Petroclostridium xylanilyticum* 呈現革蘭氏陽性，為產孢子，不具運動性之厭氧菌，可生長溫度為 35-60°C，可生長 pH 值介於 6.5 至 9.0 之間。此菌株可以利用果糖、半乳糖、葡萄糖、乳糖、麥芽糖、木聚糖、蔗糖等物質及酵母萃取物作為碳源。降解木聚糖時將產生，木糖、乙酸鹽、異戊酸和乳酸鹽；降解葡萄糖時產生**乙酸和氫氣**；降解果糖或半乳糖時將同時產生**丙酸和丁酸** (Zhang et al., 2018)。

由圖 5-9 所示，於 Day 0 的所有組別之菌相組成大致相同，可以用來表示南崁溪底泥模場之現地底泥菌群，其皆以 *Terrisporobacter mayombeii*、*Clostridium disporicum*、*Romboutsia timonensis* 及 *Desulfatitalea tepidiphila* 豐度最高，其中 *Clostridium disporicum* 能夠利用碳水化合物作為碳源，降解後可產生**乙酸、乳酸、少量的乙醇及適量的氫氣**。而 *Romboutsia timonensis* 亦為一種發酵菌，其可利用葡萄糖、蔗糖、果糖等物質將其發酵產生**乙酸和氫氣**。上述兩菌種其發酵後產生之乙酸及氫氣皆能夠作為電子供給者供脫鹵菌群利用，由此可知南崁溪現地底泥中本身已具可產氫氣之目標菌種。*Desulfatitalea tepidiphila* 為一硫酸鹽還原菌，可利用硫酸鹽作為電子接受者，並能夠將甲酸鹽、乙酸鹽、酵母萃取物等物質作為電子供給者及碳源利用。在 Day 0 的所有組別及 Day 45 及 Day 85 的 WBK 皆可以發現此菌株的存在。根據文獻報導，受 BDE-209 污染之環境將有助於硫酸鹽還原菌之間的互利關係，可能原因為加強硫酸鹽還原菌之群落的種間合作有助於硫酸鹽還原菌群落適應 BDE-209 污染的毒性 (Gao et al., 2022)。學者 Yan 等人發現，在厭氧環境中，添加硫酸鹽可以增加土壤中微生物的豐度和多樣性，這有



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

助於微生物去除**多溴聯苯醚或芳香族化合物**(Yan et al., 2018)。

由圖 5-9 所示，於 Day 45 之組別僅 WBK 之菌相組成無明顯改變，WNR、WBS 及 WBA 組皆產生截然不同之變化，可觀察到 *Intestinimonas butyriciproducens* 豐度明顯上升，其能夠將果糖離胺酸轉化為丁酸。與 *Intestinimonas butyriciproducens* 具有 97.08% 的序列一致性之 *Intestinimonas timonensis* 豐度也明顯上升。*Clostridium disporicum* 沒有因為 ISPIE 技術導致豐度明顯下降。*Terrisporobacter mayombeii* 及 *Desulfatitalea tepidiphila* 皆觀察到明顯下降的趨勢。*Propionispira arcuata* 豐度明顯上升，其可利用各式糖類發酵產生**乙酸鹽及丙酸鹽**但無法產生氫氣。*Rectinema cohabitans* 豐度明顯上升，其為 *Spirochaetaceae* 科，在具有**碳氫化合物或氯化化合物**污染之地點時常存在 *Spirochaetaceae* 科之微生物。

由圖 5-9 所示，實驗後期 WBK 組 Day 85 與 Day 0 之菌相豐度組成無改變，可知即便模場試驗期間偶遇寒流或天氣遽變皆無法改變現地已分布穩定之菌群。相對的 WNR、WBS 及 WBA 組相比 Day45 之菌相產生了截然不同的變化，可觀察到 *Intestinimonas butyriciproducens* 及 *Intestinimonas timonensis* 兩關係相近菌株之豐度明顯下降。*Terrisporobacter mayombeii* 及 *Clostridium disporicum* 無明顯改變。而能夠將飽和脂肪酸降解為乙酸鹽、丙酸鹽及甲烷的 *Syntrophomonas zehnderi* OL-4 豐度明顯上升。*Propionispira arcuata* 豐度下降，*Rectinema cohabitans* 之豐度則隨實驗時間上升，*Romboutsia timonensis* 之豐度比起 Day45 又回升至 Day0 之情形。值得注意的是 *Leptospira ryugenii* 是一種從地表水分離出來的好氧菌，可明顯觀察出其豐度於上層底泥中明顯上升，而於下層底泥中之豐度則是小幅提升，可知於實驗後期之底泥樣品可能有受到水體影響菌相組成。

由圖 5-9 所示，在所有組別中僅有 WBK 組於實驗前、中、後期皆菌相組成無明顯改變，WBK 之生物降解效果亦為最差之組別，而 WNR、WBS 及 WBA 組別於實驗中期及後期之菌群豐度皆以相似之組成進行重新排列，可知進行高溫乳化液灌注之 ISPIE 技術能夠有效的改變現地底泥菌群組成，進一步加速 BDE-209 之生物降解。

由圖 5-10 所示，於 Day0 的所有組別之菌相組成大致相同，主要以 *Clostridium disporicum*、*Romboutsia timonensis* 及 *Desulfatitalea tepidiphila* 菌種豐度最高，與風化組之 Day 0 有所不同的是缺少了 *Terrisporobacter mayombeii*，可知若藉由 DMSO 添加高濃度的 BDE-209 可能立即導致 *Terrisporobacter mayombeii* 豐度降低。



由圖 5-10 所示，於 Day 45 的所有組別皆產生許多改變，除了 FBK 的組別，其他組別皆無法觀察到原本現地底泥豐度最高的 *Clostridium disporicum*、*Romboutsia timonensis* 及 *Desulfatitalea tepidiphila*。就 FBK-U 及 FBK-L 組而言，原本具有高豐度的菌種皆大幅下降，取而代之的是 *Sulfurisoma sediminicola* 豐度大幅上升，推測導致此情形之原因為將溶有高濃度 BDE-209 之 DMSO 溶劑加入其中改變底泥環境，微生物花費時間適應環境之結果。此菌株可利用硝酸鹽及氧氣作為電子接受者，可利用甲苯及氫氣當作電子供給者(Kojima and Fukui, 2014)。於 FNR、FBS 及 FBA 之分析結果，可以觀察到 *Propionispira arcuata*、*Intestinimonas butyriciproducens* 與 *Intestinimonas timonensis* 豐度皆明顯上升，此結果與實驗中期之風化組菌群組成相同，可知於南崁溪現地底泥進行 ISPIE 技術後 45 天皆可觀察到此情形。而僅 FNR-U、FNR-L、FBS-U 及 FBS-L 之菌相組成最為相似，這兩種操作組別同時也是添加組生物降解效果最佳之兩個組別，也早在 Day 45 具有良好的生物降解效果。與 FBA 組不同的是觀察到其 *Sulfurospirillum deleyianum* DSM 6946 大量產生，此菌株能夠利用氫氣、甲酸和丙酮酸鹽作為電子供給者及碳源，可以利用硝酸鹽、亞硝酸鹽、亞硫酸鹽、硫代硫酸鹽等許多物質作為電子接受者，比較值得注意的是其可以利用元素硫、二甲亞碲作為電子接受者，反應成為硫化物及二甲基硫醚。

由圖 5-10 所示，Day 85 之 FBK 組菌相豐度已無明顯變化，可知於 Day 45 後 FBK 之微生物組成以趨於穩定。由 FNR、FBS 及 FBA 組可以觀察到於 Day 45 豐度上升的 *Propionispira arcuata*、*Intestinimonas butyriciproducens* 與 *Intestinimonas timonensis* 豐度皆明顯下降，此結果與風化組菌群變化趨勢相同，可知於南崁溪現地底泥進行 ISPIE 技術後皆會於 85 天內觀察到此變化趨勢。值得探討的是於 Day 0 具有最高豐度的 *Clostridium disporicum*、*Romboutsia timonensis* 及 *Desulfatitalea tepidiphila* 皆觀察到豐度上升的情形。*Syntrophomonas zehnderi* OL-4 豐度明顯上升，此結果與風化組相同。不同的是在添加組觀察到 *Petroclostridium xylanilyticum* 豐度大幅增加，而此菌株亦為一種發酵菌，能夠發酵產乙酸及氫氣。

風化組 TGS 之 TOP 35 菌種豐度聚類熱圖如圖 5-11 所示，風化組 TGS 之 TOP 35 菌種豐度聚類熱圖如圖 5-12 所示，可由此圖觀察得 Day 85 之 FBK 組菌相豐度已無明顯變化，可知於 Day 45 後 FBK 之微生物組成已經趨於穩定。由 FNR、FBS 及 FBA 組可以觀察到於 Day 45 豐度上升的 *Propionispira arcuata*、*Intestinimonas butyriciproducens* 與 *Intestinimonas timonensis* 豐度皆明顯下降，此結果與風化組菌群變化趨勢相同，可知於南崁溪現地底泥進行 ISPIE 技術後皆會

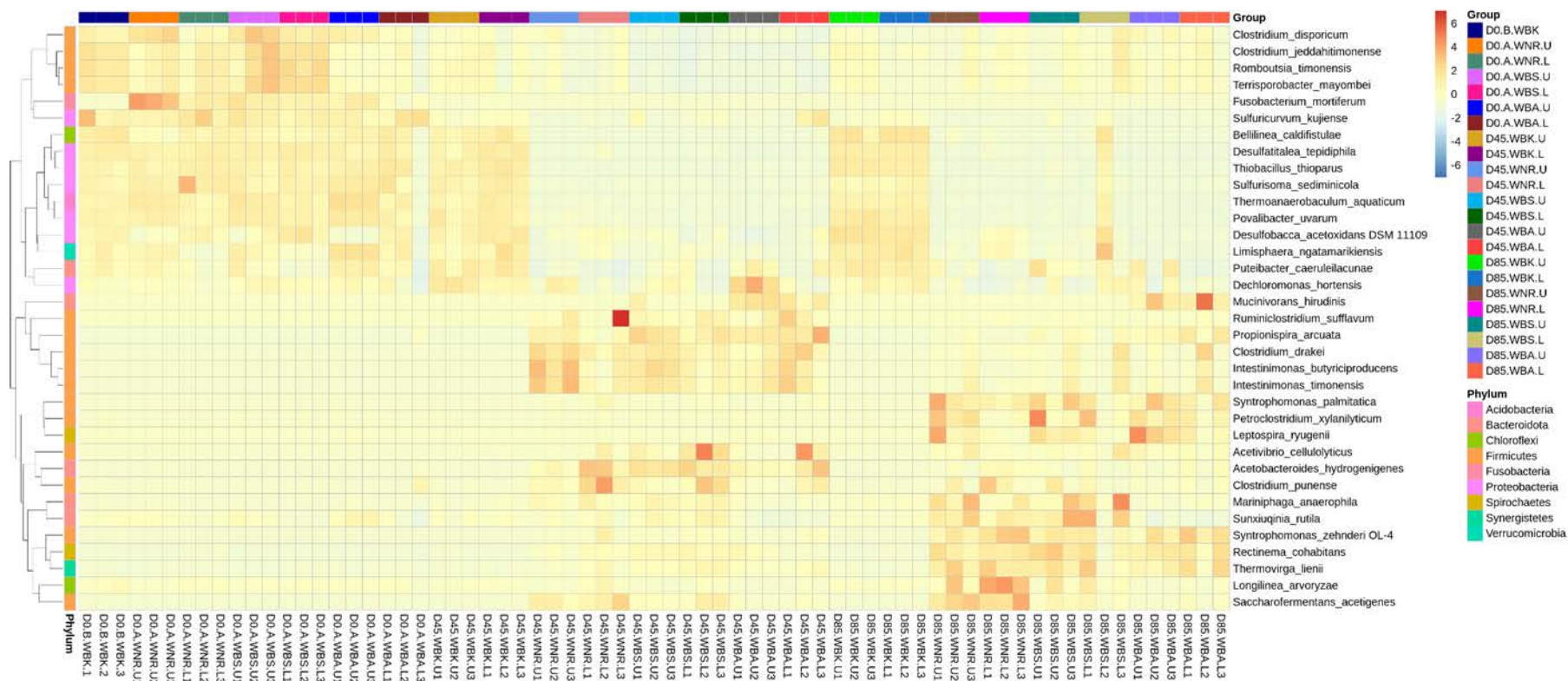


圖 5-11 模場試驗風化組 TGS 之 TOP 35 菌種豐度聚類熱圖

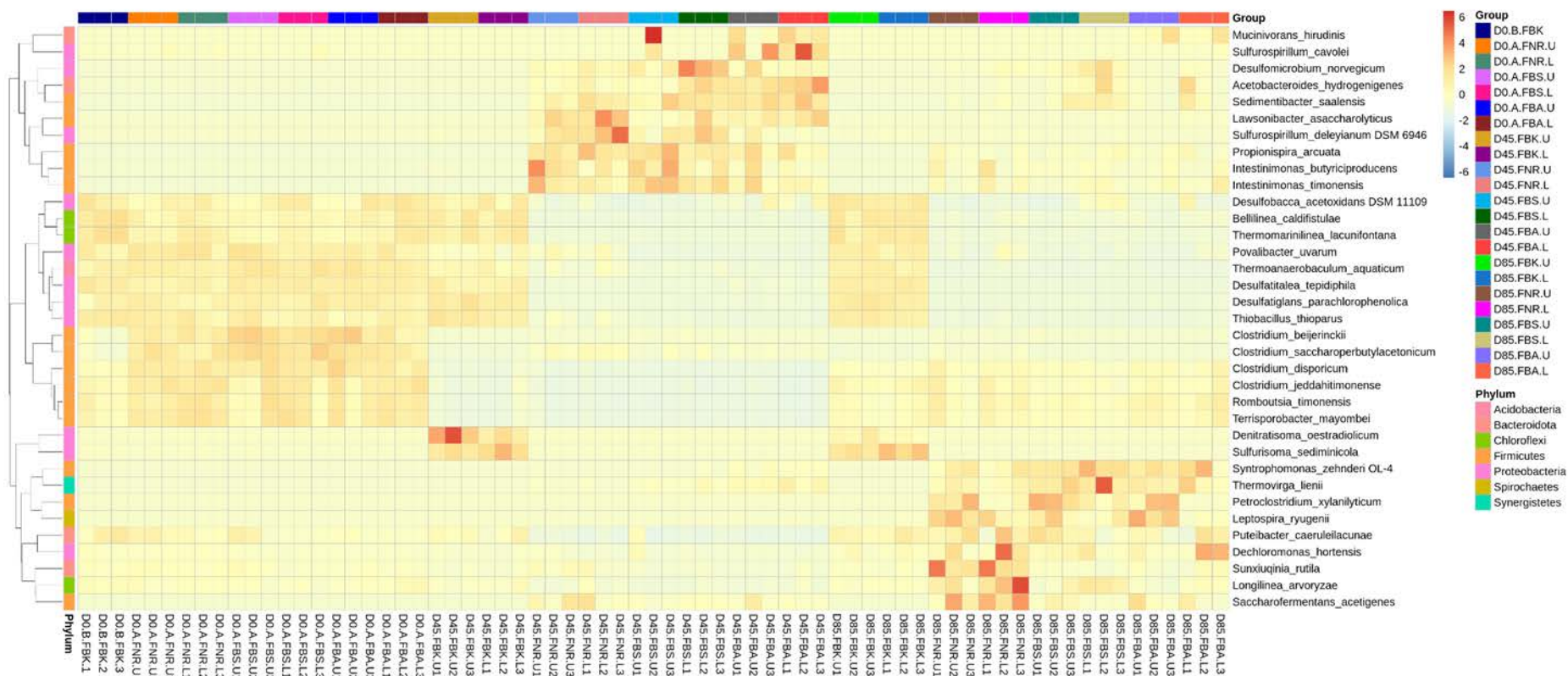


圖 5-12 模場試驗添加組 TGS 之 TOP 35 菌種豐度聚類熱圖



於 85 天內觀察到此變化趨勢。值得探討的是於 Day 0 具有最高豐度的 *Clostridium disporicum*、*Romboutsia timonensis* 及 *Desulfatitalea tepidiphila* 皆觀察到豐度上升的情形。*Syntrophomonas zehnderi* OL-4 豐度明顯上升，此結果與風化組相同。不同的是在添加組觀察到 *Petroclostridium xylanilyticum* 豐度大幅增加，而此菌株亦為一種發酵菌，能夠發酵產**乙酸及氫氣**。

風化組 TGS 之 TOP 35 菌種豐度聚類熱圖如圖 5-11 所示，風化組 TGS 之 TOP 35 菌種豐度聚類熱圖如圖 5-12 所示，可由此圖觀察出每組樣品之優勢菌種及其菌種所屬之門階層。

由圖 5-11 所示，可知風化組底泥優勢菌種大部分由 *Acidobacteria*、*Bacteroidota*、*Chloroflexi*、*Firmicutes*、*Fusobacteria*、*Proteobacteria*、*Spirochaetes* 菌門組成。其中可以看出 Day 0 之所有組別及 Day 45、Day 85 之 WBK 組菌相無太大改變，其餘有進行 ISPIE 操作組別之菌相有明顯變化，可以觀察到原本屬於 *Firmicutes* 之優勢菌種於 ISPIE 操作後產生變化。*Clostridium disporicum*、*Clostridium jeddahense* 及 *Romboutsia timonensis* 能利用碳水化合物產生**乙酸鹽、和氫氣**，而其**產生之氫氣可供脫鹵菌群作為電子供給者利用**。*Fusobacterium mortiferum* 唯一種能夠代謝多種蛋白質，產生大量丁酸之菌種(Jang and Hirsh, 1994)。*Sulfuricurvum kujiense* 為一種硫氧化菌，其不依靠糖、有機酸或碳氫化合物作為碳源生長，在厭氧條件下，能夠利用硫化物、元素硫、硫代硫酸鹽和氫氣作為電子供給者，利用硝酸鹽作為電子接受者。根據研究報導，底泥中的 PBDEs 降解涉及多種優勢屬，包括 *Pseudomonas*、*Burkholderia*、*Acinetobacter*、*Sulfuricurvum*、*Thiobacillus* 及 *Alcanivorax*，而上述這些菌屬皆屬於 *Proteobacteria* 門(Kodama and Watanabe, 2004)。*Bellilinea caldifistulae* 與 *hydrogenotrophic methanogens* 共培養可促進生長(Yamada et al., 2007)。根據研究報導 *Bellilinea* 屬與多種酚類化合物的去除有關(Kodama and Watanabe, 2004)。*Thiobacillus thioparus* 為一種硫氧化菌，能夠氧化有機和無機硫化合物，具有減少硫化氫、二氧化硫和氨排放的功能(Gu et al., 2011)，在硫循環中扮演重要角色，可被利用於整治受鹽度、鹼度重金屬污染影響的土壤(Robertson and Kuenen, 2006)。有研究證實，*Thiobacillus* 屬之微生物具有代謝 BDE-99 之能力(Yan et al., 2018)。*Desulfobacca acetoxidans* DSM 11109 為一硫酸鹽還原菌，乙酸鹽是其唯一可利用的電子供給者及碳源，可以利用硫酸鹽、亞硫酸鹽和硫代硫酸鹽做為電子接受者(Oude Elferink et al., 1999)。文獻表示，BDE-209 的存在將促進底泥中硫酸鹽的還原，且可增加硫酸鹽還原菌的豐度和多樣性，其中包括 *Desulfobacca acetoxidans* DSM 11109(Gao et al., 2022)。*Dechloromonas hortensis* 為一種氯酸鹽還原菌，可



利用乙酸鹽和丙酮酸鹽作為電子供給者，可利用高氯酸鹽、氯酸鹽、硝酸鹽和氧氣用作電子接受者(Wolterink et al., 2005)，根據文獻顯示，此菌株種於以丙酮酸之作為碳源之底泥降解實驗中觀察到隨 BDE-209 降解而豐度上升的趨勢(Xu et al., 2012)。*Syntrophomonas palmitatica* 與 *hydrogenotrophic methanogens* 共同培養，可以代謝具有 4-18 個碳原子的直鏈飽和脂肪酸(McInerney et al., 1981)，可知與 *Bellilinea caldifistulae* 及 *Syntrophomonas zehnderi* OL-4 同樣具類似之性質。根據研究證實，*Syntrophomonas* 屬之存在有助於底泥環境中 BDE-209 的厭氧還原脫溴(Zhu et al., 2019)。*Acetobacteroides hydrogenigenes* 能夠利用葡萄糖發酵，產生**乙酸、氫氣和二氧化碳**(Su et al., 2014)。*Clostridium punense* 能透過葡萄糖發酵，產生丁酸、乙酸和丁醇，無法產生氫氣(Lund et al., 1981)。*Saccharofermentans acetigenes* 可利用葡萄糖發酵，可產生**乙酸鹽、氫氣及二氧化碳**(Chen et al., 2010)。可觀察到具有許多 *Clostridium* 屬之菌種存在，文獻表明，*Clostridium* 在 BDE-209 的生物還原脫溴中扮演重要角色並且可以在厭氧條件下降解 **Arolor 1242**(Chang et al., 2016)。

由圖 5-12 所示，可知添加組底泥優勢菌種大部分由 *Acidobacteria*、*Bacteroidota*、*Chloroflexi*、*Firmicutes*、*Proteobacteria*、*Spirochaetes* 菌門組成。*Mucinivorans hirudinis* 可透過簡單或複雜的糖類發酵產生酸性之副產品(Nelson et al., 2015)。*Sulfurospirillum cavolei* 為一種硫還原菌，能利用元素硫、硫代硫酸鹽、亞硫酸鹽、砷酸鹽、硝酸鹽和 DMSO 作為電子接受者，可利用氫氣及乙酸等物質作為電子供給者及碳源(Kodama et al., 2007)。有研究發現，同為 *Sulfurospirillum* 屬之 *Sulfurospirillum multivorans* 對**四氯乙烯和三氯乙烯**具有厭氧還原脫氯功能(Luijten et al., 2003)，並且發現 *Sulfurospirillum multivorans* **能夠將十溴二苯醚脫溴降解為八溴二苯醚及七溴二苯醚**(He et al., 2006)。*Sedimentibacter saalensis* 為一種從河川底泥分離出來的菌種。有研究表明，*Sedimentibacter* 屬與底泥中 BDE-209 之厭氧還原脫溴化有一定關聯性(Zhu et al., 2019)。*Lawsonibacter asaccharolyticus* 可透過發酵產生**乙酸鹽和丁酸鹽**，其與 *Pseudoflavonifractor capillosus* 具有 96.7 之序列一致性。*Desulfatiglans parachlorophenlica* 為一種硫酸鹽還原菌，可利用丁酸鹽和丙酮酸鹽做為電子供給者(Suzuki et al., 2014)。*Denitratisoma oestradiolicum* 可利用硝酸鹽作為電子接受者，利用**乙酸鹽、丙酮酸鹽**作為電子供給者。研究報導，此菌株被發現於一降解 PBDEs 及 PCBs 之培養物且隨降解時間觀察到豐度改變(Song et al., 2015)。*Longilinea arvoryzae* 與 *hydrogenotrophic methanogens* 共培養可促進生長，生長偏好酵母萃取物，且不利利用硫酸鹽、亞硫酸鹽、硫代硫酸鹽、元素硫、硝酸鹽等作為電子接受者。*Longilinea arvoryzae* 與 *Bellilinea caldifistulae* 具有相當相似之性質(Yamada et al., 2007)。可觀察到添加組除 FBK 組無明顯變化



之外，其餘組別菌相豐度具有三階段明顯的變化，此結果菌相變化程度相較風化組明顯。降解效果最佳之 FNR-L 於 Day 85 時觀察到 *Dechloromonas hortensis*、*Sunxiuqinia rutila*、*Longilinea arovryzae* 及 *saccharofermentans acetigenes* 豐度上升。

綜上，大部分菌種均有發酵產有機酸與氫氣之功能，部分有降解氯化烷類與氯化烯類，少數能降解 PBDEs、苯與 PAHs。

5.5. Alpha 多樣性

Alpha 多樣性是指一個特定區域或者生態系統內的多樣性，用來描述單個樣品的物種多樣性或藉由 Alpha 多樣性指標作為判斷樣本定序量是否足夠的標準。Alpha 多樣性的指標眾多，本研究針對 Shannon index 及 observed species 進行探討。Shannon index 同時考量物種數和物種均勻度，愈豐富均勻的群集，指標數值愈高，也就具有較高的多樣性。observed species 代表實際觀測到 ASVs 數量，可用於表示物種量。

風化組各組別之 Shannon index 箱型圖如圖 5-13 所示，風化組各組別之 observed features 箱型圖如圖 5-14 所示。可知於實驗前期所有組別之 Shannon index 及 observed features 普遍較高，而沒有進行 ISPIE 技術之 WBK 組別，於實驗中期及後期之 Shannon index 及 observed features 皆持平，有進行 ISPIE 技術之 WNR、WBS 及 WBA 組別之 Shannon index 及 observed features 皆明顯下降(圖中紅色曲線代表 WBK-U 與 WBK-L 之趨勢，綠色曲線則是最佳組別 WNR-L 之趨勢)，可知 ISPIE 技術有效的將菌相龐雜度改變，組成降解 BDE-209 效果較佳之菌群。而風化組降解效果最佳之組別 WNR-L 之 Shannon index 及 observed features 相對其他組別較低，降解效果最差之 WBK-U 及 WBK-L 皆穩定具有相當高之 Shannon index 及 observed features，可知 Shannon index 及 observed species 之高低無法直接作為解讀降解效果的依據。就觀察 WNR 及 WBS 組，於 Day 45 及 Day 85 之 Shannon index 無明顯差異，但 WBA 組之 Shannon index 及 observed features 隨時間下降。

添加組各組別之 Shannon index 箱型圖如圖 5-15 所示，observed features 箱型圖如圖 5-16 所示(圖中紅色曲線代表 FBK-U 與 FBK-L 之趨勢，綠色曲線則是最佳組別 FNR-L 之趨勢)。可觀察出實驗前期所有組別及實驗中期後期之 FBK 組皆普遍具有較高之 Shannon index 及 observed features，此結果與風化組結果相同，證實 ISPIE 技術有效的將菌相龐雜度改變，重新組成降解 BDE-209 效果較佳之菌群。與風化組不同的是 FNR、FBS 及 FBA 組 Shannon index 從 Day 45 至 Day 85 有提升的趨勢，其 observed features 變化較無 Shannon index 明顯，但仍可觀察出



observed features 之小幅提升。

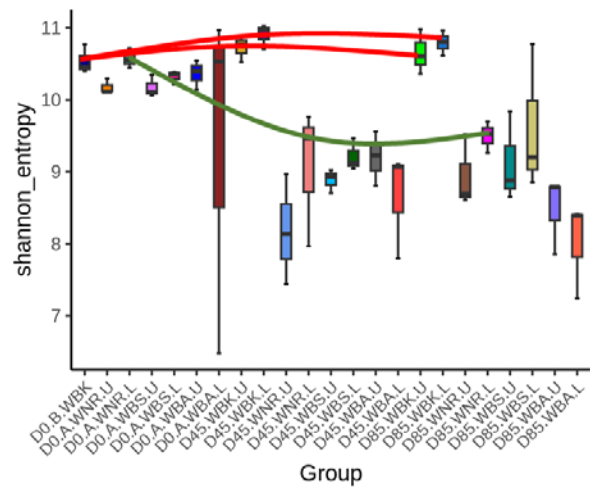


圖 5-13 風化組各組別之 Shannon index

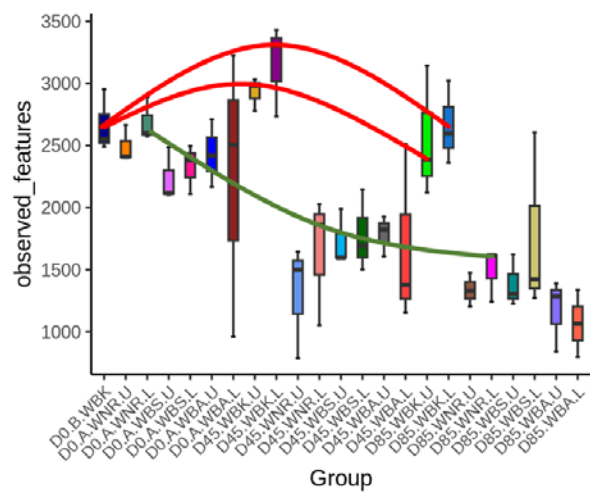


圖 5-14 風化組各組別之 observed features

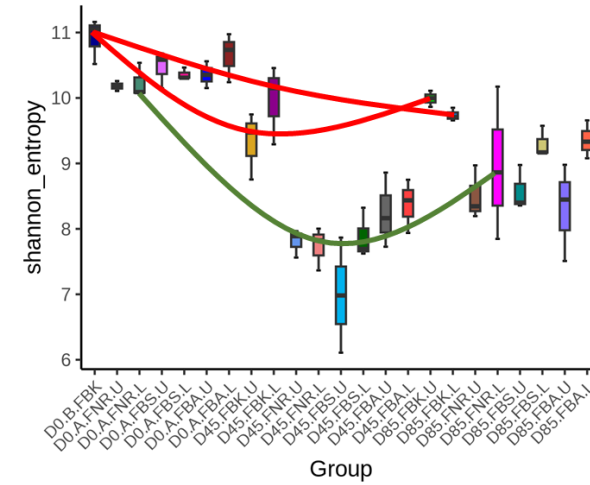


圖 5-15 添加組各組別之 Shannon index

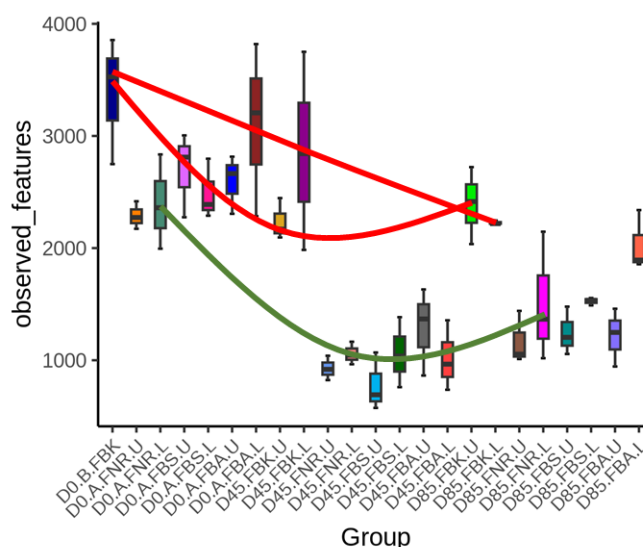


圖 5-16 添加組各組別之 observed features

5.6. 人工智慧機器學習結果討論

以下分為機器學習結果、菌種重要性與相關性探討與 TGS 資料機器學習在土水整治之擴大應用三小節進行說明。

5.6.1. 機器學習結果

本計畫總共收集 330 個樣品，將 DNA 樣本萃取完成後，進行 TGS 定序，完成定序資料集共有 330 個，針對這些資料集進行 4.1.6.1 節所述之方式產生 1,008 組之資料集，此次資料由於廠商採用雙倍定序深度（double sequencing depth），產生之 ASVs 總數超過 12 萬個，為避免無效學習，將欄位值大都為零之 ASVs 去除（330 個欄位總和小於 50 者均去除之），將總數縮減至 2 萬多個再進行學習。學習之方式分為四階段，第一階段是資料前處理，先將所有資料集的 ASVs 的 copy 數加總，可以發現每一個資料集之總 copy 數不同，所以需要先做一個標準化之動作，將所有的定序總 copy 數調為均一，再進行 $x+1$ 之動作（ x 為標準化調整後 copy 數），此舉是為避免 copy 數為 0 導致無法進行對數運算。之後，再依照 1,008 個資料集產出之組合方式產生相對應之 $\ln x/x_0$ 相對應之 ΔS ，此為資料之前處理。完成前處理之資料以隨機（random）方式分割為 80% 與 20% 資料集，前者作為訓練資料集（training datasets），後者做為測試資料集（testing dataset），經過訓練與測試之模式，再以 k-fold 交叉驗證（k-fold cross validation, $k = 5$ ）。第 2 至第 4 步驟均會產生三個指標，即均方差（mean squared error, MSE）、均方根誤差（Root Mean Squared Error, RMSE）與決定係數（coefficient of determination, R^2 ）。MSE 與 RMSE 均以趨近於 0 最佳， R^2 則以愈趨近 1 愈佳。表 5-2 至 5-4 分別為針對所有 336 個資料集（表 5-2）、168 個風化組資料集（表 5-3）及 168 個添加組資料集（表 5-4）進行機器學習與深度學習之結果，定序時僅定序 330 個樣品，但卻



能有 336 個資料集，是因為時間 0 時，WBK 與 FBK 因未進行 ISPIE，共只需進行混合後之單一樣品（三重複）定序即可作為時間 0 之上下層樣品（2 個三重複）之資料集。由此三個表中，可見 LASSO 模型之表現最佳，其驗證階段之 MSE、RMSE 及 R^2 分別可達 0.0019、0.0435 與 1.0000，其次為 XGBoost。在國際文獻所做出之機器學習文獻中，通常 R^2 幾乎未曾見過可達 1.0000 者，此處 LASSO 之學

表 5-2 所有資料之學習結果

階段	指標	LASSO	RF	XGBoost	ANN
訓練(80%)	MSE	0.0008	5.1490	0.0000	2.1457
	RMSE	0.0275	2.2691	0.0029	1.4648
	R^2	1.0000	0.8714	1.0000	0.9464
測試(20%)	MSE	0.0065	13.4494	9.5383	7.6188
	RMSE	0.0803	3.6673	3.0084	2.7602
	R^2	0.9999	0.7248	0.8048	0.8441
驗證(100%)	MSE	0.0019	6.8124	1.9115	3.2425
	RMSE	0.0435	2.6101	1.3826	1.8007
	R^2	1.0000	0.8371	0.9543	0.9225

註：LASSO = least absolute shrinkage and selection operator; RF = random forest; XGBoost = Extreme Gradient Boosting; ANN = artificial neural network

表 5-3 風化組資料之學習結果

階段	指標	LASSO	RF	XGBoost	ANN
訓練(80%)	MSE	0.0010	0.0038	0.0000	0.0037
	RMSE	0.0316	0.0620	0.0001	0.0605
	R^2	1.0000	0.8854	1.0000	0.8909
測試(20%)	MSE	0.0016	0.0143	0.0108	0.0077
	RMSE	0.0400	0.1197	0.1039	0.0880
	R^2	0.9999	0.6099	0.7062	0.7892
驗證(100%)	MSE	0.0000	0.0059	0.0002	0.0045
	RMSE	0.0012	0.0771	0.0465	0.0669
	R^2	1.0000	0.8261	0.9368	0.8690

表 5-4 添加組資料之學習結果

階段	指標	LASSO	RF	XGBoost	ANN
訓練(80%)	MSE	2.6897	26.9014	18.4624	12.7018
	RMSE	1.6400	5.1867	4.2968	3.5640
	R^2	0.8827	0.6569	0.7645	0.8380
測試(20%)	MSE	0.0000	5.3696	0.0001	4.6683
	RMSE	0.0020	2.3172	0.0096	2.1606
	R^2	1.0000	0.9249	1.0000	0.9347
預測(100%)	MSE	0.5390	9.6845	3.6999	6.2782
	RMSE	0.7342	3.1120	1.9235	2.5056
	R^2	0.9709	0.8672	0.9493	0.9139



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

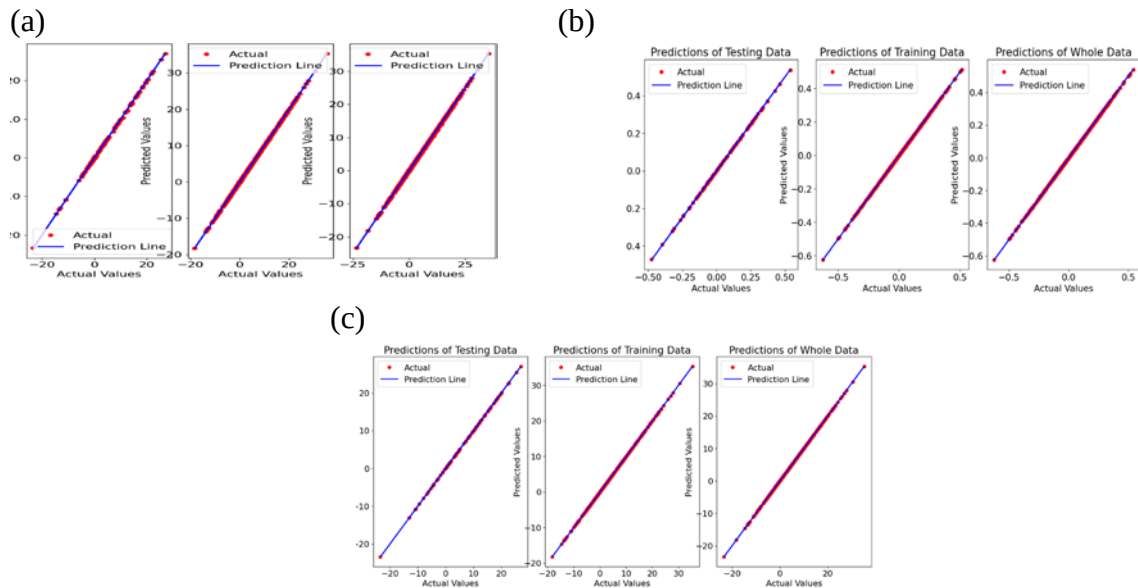


圖 5-17 LASSO 模式於所有資料(a)、風化組(b)與添加組(c)於測試、訓練與驗證階段之預測值與實測值之差異

習效果如此突出，較可能原因有二：一為雙重定序深度所獲之 ASVs 數量超過 12 萬種，經過刪減後仍達 2 萬多種，有足夠之特徵值，二為 copy 數比例 ($\ln x/x_0$) 與 ΔS 之理論關係式原本即存在。LASSO 模式在所有資料、風化組資料與添加組資料在測試、訓練與交叉驗證三階段之結果如圖 5-17 所示。斜對角的藍色線條為預測值，紅點為實際值，三個區塊分別是全部資料集、風化組與添加組，由此圖可見 LASSO 模式在所有資料、風化組資料與添加組資料之最終交叉驗證之預測值與實際值非常貼近。同樣地，針對 XGBoost 模式在所有資料、風化組資料與添

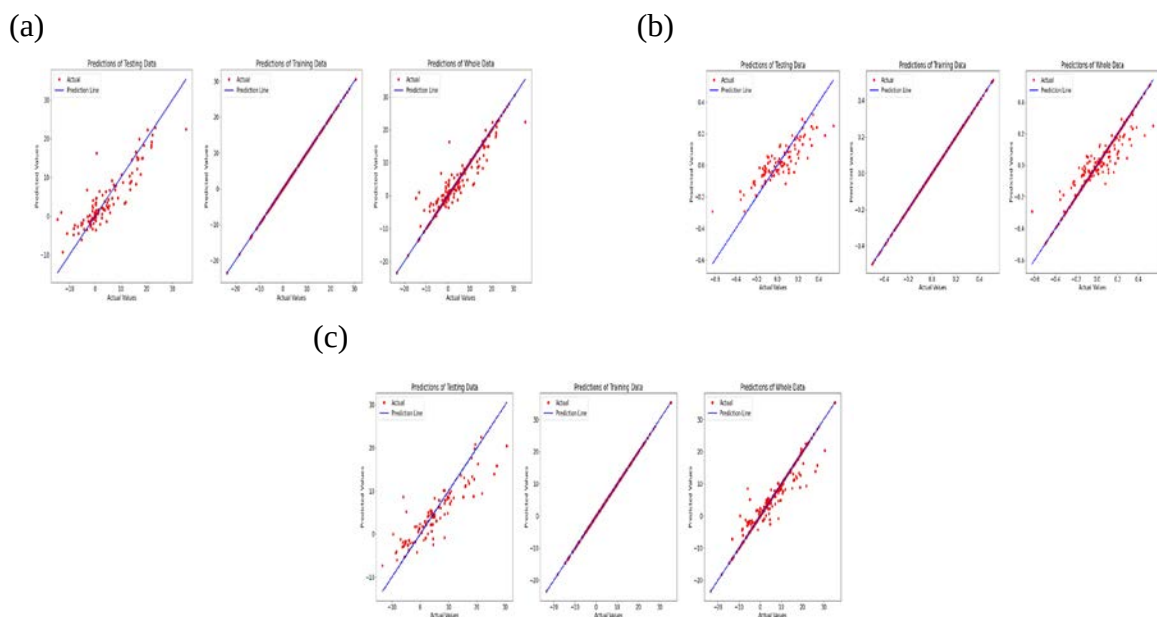


圖 5-18 XGBoost 模式於所有資料(a)、風化組(b)與添加組(c)於測試、訓練與驗證階段之預測值與實測值之差異



加組資料在測試、訓練與交叉驗證三階段之結果繪圖如圖 5-18 所示。在圖 5-18 中可見 XGBoost 在訓練階段可達到高度之資料切合 (fitting, 見圖 5-18a、5-18b、5-18c 居中之圖形)、但在最終交叉驗證階段就無法達到高度切合之情況 (見圖 5-18a、5-18b、5-18c 居右之圖形)。比較圖 5-17 與圖 5-18 可知 LASSO 確實能夠有較佳之表現。本計畫原訂至少進行 2 種機器學習模式之學習, 而實際則是完成 6 種機器學習模式之學習, 但限於篇幅, 不在此處贅述所有結果。

5.6.2. 菌種重要性與相關性探討

既然 LASSO 模式為最佳模式, 如何定義需要多少特徵才能有效預測結果, 可將所有之 AVSs 依其在預測重要性進行排序, 並且已累進之方式進行預測並得到其相應之 R^2 值, 將此結果進行繪圖如圖 5-19 所示。由此圖觀察可得知, LASSO 大約需要 250 個 ASVs 才能有效預測 BDE-209 之降解效率, 其數量約佔所有進行學習之 ASVs 數目之 1.0%。與本實驗室進行地下水中三氯乙烯生物降解定序得到 714 個 ASVs, 進行機器學習結果顯示約需要 50-52 個 ASV 才能預測總氯化乙烯類物質之降解效果, 其所需數目比率約為 7.1%; 純粹以數量比較, 底泥則是地下水之 5 倍左右, 可知在底泥中微生物菌相比地下水微生物菌相更加複雜, 且若需獲得相似之預測能力, 所需考慮之 ASV 也相對較多。為了解此三種資料集學習結果中依重要性排列的菌種是否有重複, 將三種結果中排名前 250 名之菌種彙整於附件八, 前 20 名重複之菌種整理於表 5-5。加了灰色網底的菌種是完全一樣的菌種, 加了黃色底色的則是同屬的菌種。由該表可以看出完全一樣的菌種, 其關係係數之正負都是一致的, 如 *Arcobacter acticola*、*Priestia koreensis* 與 *Geothermobacter hydrogeniphilus* 在欄 A 與欄 C 均為負值, *Zoogloea ramigera* 則是在欄 B 與欄 C 均為負值。*Bacillus* 屬兩種不同菌種與 *Fusibacter* 屬兩種不同菌種均有重複出現, 其相關性卻是顛倒的。以下針對有完全重複之菌種進行說明。

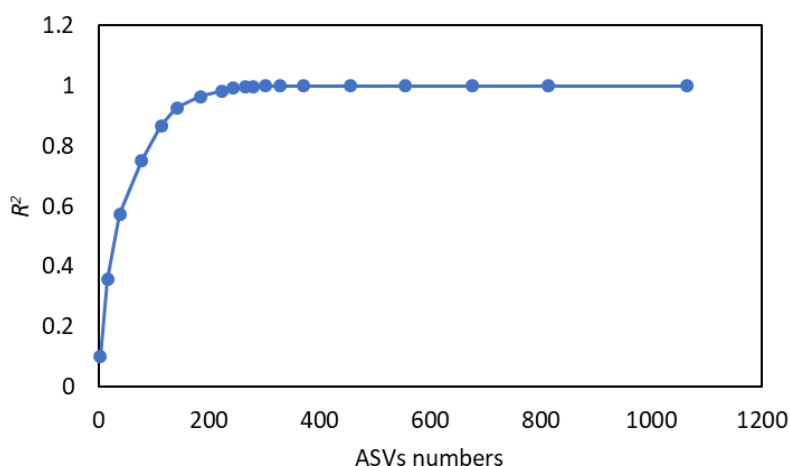


圖 5-19 LASSO 之 ASVs 數目與預測之累積 R^2 圖

表 5-5 LASSO 在三種不同資料集學習下之前 20 名菌種

排名	全部資料/相關性 (A)		風化組/相關性 (B)		添加組/相關性 (C)	
1.	<i>Arcobacter acticola</i>	-	<i>Puteibacter caeruleilacunae</i>	+	<i>Lentimicrobium saccharophilum</i>	-
2.	<i>Vicinamibacter silvestris</i>	-	<i>Youhaiella tibetensis</i>	-	<i>Zoogloea ramigera</i>	-
3.	<i>Pelosinus propionicus</i> DSM 13327	+	<i>Zoogloea ramigera</i>	-	<i>Bacillus</i> spizizenii	-
4.	Unassigned	-	<i>Anaerotaenia torta</i>	-	<i>Thermostilla marina</i>	+
5.	<i>Thioalkalivibrio sulfidiphilus</i>	-	<i>Zeimonas arvi</i>	-	Unassigned	+
6.	<i>Pelagibius marinus</i>	-	<i>Macellibacteroides fermentans</i>	+	<i>Thiobacter subterraneus</i>	+
7.	<i>Mycolicibacterium cosmeticum</i>	-	<i>Sporobacter termitidis</i>	-	<i>Limisphaera ngatamarikiensis</i>	-
8.	<i>Dysosmobacter acutus</i>	-	<i>Fusibacter</i> fontis	+	<i>Priestia koreensis</i>	-
9.	<i>Vogesella amnigena</i>	-	<i>Capsulimonas corticalis</i>	-	<i>Terrimonas soli</i>	-
10.	<i>Alkalibaculum sporogenes</i>	+	<i>Cetobacterium somerae</i>	+	<i>Arcobacter acticola</i>	-
11.	<i>Clostridium magnum</i> DSM 2767	+	<i>Sunxiuqinia rutila</i>	-	<i>Fusibacter</i> paucivorans	-
12.	<i>Bacillus</i> pumilus	+	Unassigned	+	<i>Sulfurimonas crateris</i>	-
13.	<i>Priestia koreensis</i>	-	<i>Gemmatimonas phototrophica</i>	+	<i>Sulfurimonas crateris</i>	-
14.	<i>Anaerocolumna cellulolytica</i>	-	<i>Lignipirellula cremea</i>	-	<i>Spiroplasma eriocheiris</i> CCTCC M 207170	+
15.	<i>Geothermobacter hydrogeniphilus</i>	-	Unassigned	+	<i>Intestinimonas timonensis</i>	+
16.	<i>Pararheinheimera texasensis</i>	-	<i>Nitrospina gracilis</i> 3/211	-	<i>Ornatilinea apprima</i>	+
17.	<i>Acetobacteroides hydrogenigenes</i>	+	<i>Syntrophomonas curvata</i>	+	<i>Dissulfurimicrobium hydrothermale</i>	+
18.	<i>Macellibacteroides fermentans</i>	+	<i>Propionispora vibrioides</i>	-	<i>Geothermobacter hydrogeniphilus</i>	-
19.	<i>Ignavibacterium album</i> JCM 16511	-	<i>Thermanaerotherix daxensis</i>	+	<i>Paeniclostridium [Eubacterium] tenue</i>	-
20.	<i>Tepidibaculum saccharolyticum</i>	-	<i>Desulfoglaeba alkanexedens</i> ALDC	+	<i>Raoultibacter timonensis</i>	+



Arcobacter acticola、*Priestia koreensis* 與 *Geothermobacter hydrogeniphilus* 在欄 A 與欄 C 均為負值，*Zoogloea ramigera* 是來自 *Zoogloea* 屬的革蘭氏陰性好氧菌，存在於活性污泥等富含有機物的水環境中(Rosselló-Mora et al., 1995)，可自行固氮並且是廢水處理中形成膠羽的主要菌種。*Arcobacter acticola* 從韓國東海的海水中分離出一種革蘭氏陰性之兼性需氧的無鞭毛桿狀細菌，菌株在 30°C、pH 7.0 - 8.0 和 0.0 - 0.5% (w/v) NaCl 存在下生長最佳(Park et al., 2016)。此菌具有降解苯甲酸、胺基苯甲酸、氯烷、氯烯、氯化環己烷、氯苯、二甲苯、硝基甲苯、己內醯胺 (caprolactam)、戴奧辛之功能性基因(Kanehisa et al., 2022)。*Priestia koreensis* 為革蘭氏陰性之芽孢桿菌目與芽孢桿菌科的桿狀細菌，具有降解苯甲酸、胺基苯甲酸、氯烷、氯烯、氯化環己烷、氯苯、二甲苯與硝基甲苯之功能性基因(Kanehisa et al., 2022)；*Geothermobacter hydrogeniphilus* 是從東太平洋熱液噴口分離出一種新型中溫厭氧的混營菌，革蘭氏陰性的多形性桿狀細胞。此菌一般以 37.5 - 40 °C、15 - 20 g/L 的 NaCl 和 pH 6.4 條件下生長最佳。以 H₂ 為主要電子供給者、CO₂ 為碳源，檸檬酸鐵、Fe(OH)₃、MnO₂、AsO₄³⁻、SO₄²⁻、SeO₄²⁻、S₂O₃²⁻、SO 和 NO₃⁻ 也用作最終電子接受者。乙酸鹽、酵母萃取物、甲酸鹽、乳酸鹽、胰蛋白胰和酪蛋白胺基酸也可作為電子供給者和碳源(Pérez-Rodríguez et al., 2021)。由此可見，此菌可能與真正之還原脫溴菌群競爭 H₂ 與乙酸鹽，故呈負相關。

為了解主要正相關菌群，以下針對所有資料及進行學習之正相關菌眾進行說明。*Pelosinus propionicus* DSM 13327 為一種產丙酸菌，發酵時丙酸鹽和乙酸鹽的形成比例為 2:1，這是大多數產丙酸細菌的典型比例。在 H₂/CO₂ 氣體條件下，葡萄糖、果糖和丙酮酸的發酵產物模式轉向丙酸形成，而消耗乙酸酯。細胞懸浮液以乳酸、葡萄糖、甘油或氫作為電子供給者來還原氧（電子接受者），在氧氣存在下，乳酸發酵的產物模式從丙酸鹽生產轉變為乙酸鹽生產(Moe et al., 2012)，因屬產乙酸之發酵菌股可有利於 BDE-209 之降解。*Alkalibaculum sporogenes* 是從陸上泥火山（俄羅斯塔曼半島）分離出一種新型厭氧內生孢子細菌。生長溫度範圍為 5-42°C，最適溫度為 30°C。生長的 pH 範圍為 6.5-11.0，最適 pH 為 8.0，以葡萄糖發酵的最終產物是乙酸鹽(Khomyakova et al., 2020)，故也可有助於 BDE-209 之生物降解。*Clostridium magnum* DSM 2767 從以 2,3-丁二醇作為唯一基質和巴氏殺菌淡水沉積物作為接種物的富集物中分離出一種新的嗜溫、產芽孢、革蘭氏陰性嚴格厭氧菌。可以 2,3-丁二醇、乙偶姻 (Acetoin)、果糖、葡萄糖、蔗糖、木糖、蘋果酸鹽和檸檬酸鹽作為基質，完全轉化為乙酸鹽(Shin et al., 2016)，故有助於 BDE-209 之降解。*Bacillus pumilus* 可代謝多種碳源、它對低 pH 值暴露具抵抗力，可在膽鹽存在下的生長。可代謝簡單和複雜碳源，如葡萄糖、澱粉、羧甲基纖維素、菊粉和三丁酸甘油酯。與 *Bacillus pumilus* 密切相關之 *Bacillus subtilis*



在缺氧情況下，利用硝酸鹽氮化和各種發酵過程生長。以高效液相層析法鑑定生長培養基中的乳酸、乙酸和 2,3-丁二醇是主要的無氧發酵產物(Cruz Ramos et al., 2000)，因此菌種也有助於 BDE-209 降解。*Acetobacteroides hydrogenigenes* 是從中國的蘆葦沼澤中分離出的一種嚴格厭氧嗜溫之革蘭氏陰性產氫的細菌。生長的最適溫度為 37°C（範圍 25-40°C）和 pH 7.0-7.5（範圍 pH 5.7-8.0）。此菌株可在酵母萃取物、胰蛋白胨、阿拉伯糖、葡萄糖、半乳糖、甘露糖、麥芽糖、乳糖、肝糖、果膠和澱粉上發酵生長。葡萄糖發酵的主要終產物是乙酸、H₂ 和 CO₂ (Su et al., 2014)。由其產物可知均有助於 BDE-209 之降解。*Macellibacteroides fermentans* 是從突尼斯處理屠宰場廢水的上流式厭氧過濾器中分離出之厭氧且不形成芽孢之革蘭氏陽性桿狀嗜溫菌，在 20-45 °C（最佳 35-40 °C）和 pH 5.0-8.5（最佳 pH 6.5-7.5）下生長。不以硫酸鹽、硫代硫酸鹽、元素硫、亞硫酸鹽、硝酸鹽和亞硝酸鹽作最終電子接受者。可使用纖維二糖、葡萄糖、乳糖、甘露糖、麥芽糖、蛋白胨、鼠李糖、棉子糖、蔗糖和木糖作為電子供給者。葡萄糖代謝的主要發酵產物是乳酸、乙酸、丁酸和異丁酸(Jabari et al., 2012)，因此，此菌也有助於還原脫溴。

由以上介紹可知，這些與 BDE-209 降解正相關之菌種均屬可產生 H₂ 與乙酸之發酵菌居多，並未見到文獻中較常見之厭氧脫溴菌種與菌株，如 *Dehalococcoides mccartyi* BAV1、*Dehalococcoides mccartyi* CBDB1、*Dehalogenimonas*、*Dehalobacter*、*Acinetobacter*、*Geobacter*、*Shewanella*、*Myxobacteria* sp.、*Sulfurospirillum multivorans*、*Desulfovibrio* sp.、*Sphingomonas* sp. SS3、*Sphingomonas* sp. SS33、*Cupriavidus* sp.、*Pseudomonas aeruginosa*、*Rhodococcus jostii* PHA1、*Burkholderia xenovorans* LB400、*Rhodococcus* sp. RR1 與 *Pseudomonas dioxanivorans* CB1190 等。部分學者認為 *Dehalococcoides mccartyi* BAV1 與 *Dehalococcoides mccartyi* 195 無法利用 BDE-209 做為單一電子接受者(He et al., 2006)，文獻報導之 BDE-209 降解菌種列表詳見附件九。經比對附件九與前 20 名菌種，僅有 *Bacillus pumilus* 與 *Clostridium magnum* DSM 2767 與附件九 *Bacillus* sp. 與 *Clostridium* spp. 略有重複，其他完全未見到。在附件八中則是僅有添加組中可見到 *Dehalococcoides mccartyi* 195，三種學習資料中排在第 95，114 與 161 名，在預測之相對重要性偏低。*Geobacter* 屬之菌種則是在三種學習資料中都有出現且排名靠前（在 21-50 名之間），其餘均未見到。所以，文獻報導之脫溴菌種可視為降解成功之必要條件，但並非充分條件或是最佳指標。

總之，以 LASSO 方法之機器學習過程中，可能在菌種重要性指定過程中，因為這些脫溴菌群 copy 數較低或是與其他菌種展現之共線性（colinear）過高而被忽略（此為 LASSO 方法之特性）。



5.6.3. TGS 資料機器學習在土水整治之擴大應用

由於本研究在底泥整治樣品 TGS 資料之初步應用成功，確實可考慮將此技術繼續發展為底泥深度影響機制、優勢菌種功能分析及擴充數據集等方向研究，首先是底泥深度影響機制部分，由於淺層底泥可能受到潮差導致厭氧還原環境轉變為好氧或是兼氣狀態而有不利於厭氧還原脫溴之情況，故未來研究可考慮在 ISPIE 完成後在上方加入 10-15 公分之乾淨客土作為緩衝再進行實驗，應可有效隔絕較高溶氧河水進入與退潮造成曝氣情況發生。

優勢菌種功能分析部分目前已經可以進行研究，進行之方式是將所有樣品中 16S rRNA genes 進行 functional genes 查詢，將總 ASV 表轉換為功能性基因 copy 數（縱軸）對所有樣品（橫軸）的總表，再進行代謝路徑資料庫之查詢，可將主要功能路徑整理出來。目前有 FAPROTAX、PICRUST2 與 Tax4Fun2 三種主要方式進行功能預測，此處僅就 FAPROTAX 預測結果進行討論，圖 5-20 為風化組之功能預測，圖 5-21 為添加組之功能預測。此處必須強調這是根據 16S rRNA genes 的 copy 數進行之預測，並非是由 mRNA copy 數之 transcriptomics study 或是蛋白質單位的 proteomic study 或是 translatomics study 所得來的，故僅是預測，僅可供參考用。

由圖 5-20 與 5-21 可知，兩圖的型態（patterns）確實有所不同，僅在**硫代硫酸鹽還原（thiosulfate respiration）**、**硫酸鹽還原(sulfate respiration)**、**發酵（fermentation）**與**好氧化學異營（aerobic chemoheterotrophy）**功能上有較高之量化功能路徑（亦即顏色較為深紫色）。再將圖 5-20 與表 5-1 結果互相比對，可在風化組部分發現一些趨勢，可特別將排名第 1 至第 3 的 WNR-L、WBS-L 與 WNR-U 挑出與其他 5 組樣品進行比較，可看出前 3 名的組別在 45 天時硫酸鹽還原與好氧化學異營兩者均變淡，表示當時可能這些路徑功能基因的 copy 數相對較低，在地 85 天時也有類似情形。也就是表示好氧相關功能已經轉弱，且硫酸鹽還原功能可能也已經減弱，已經可以使用 BDE-209 作為電子接受者，另外較不明顯的是 fumarate respiration（富馬酸鹽還原），目前任職於史丹福大學之 Criddle 教授在 1990（當時是博士生）發表 *Escherichia coli* K-12 在富馬酸鹽還原與發酵情況下可將四氯化碳緩慢還原為氯仿、CS₂ 與 CO₂，但在低溶氧（low oxygen level）情況下，則是降解速率較快(Criddle et al., 1990)。

再將圖 5-21 與表 5-1 結果互相比對，也可在添加組部分發現一些趨勢，可特別將排名第 1 至第 3 的 FNR-L、FBS-L 與 FBS-U 挑出與其他 5 組樣品進行比較，可看出前 3 名的組別也在 45 天時有硫酸鹽還原與好氧化學異營兩者均變淡之情形外，同時也有 sulfite respiration、sulfur respiration、thiosulfate respiration、fumarate



respiration、dark sulfide oxidation、dark hydrogen oxidation 與 arsenate respiration 由淡轉濃再轉淡之起伏情況，其他組則無此情況。由於各個場址之菌相可能有大幅改變，但是要能夠順利將目標污染物有效降解的功能卻往往是高度相似，故此種特殊之型態可供作為未來整治決策之參考。

擴充數據集與擴大應用部分則是需要繼續不斷之研究且進行 TGS 定序資料分析與機器學習，才有辦法繼續累積，同時也應同時針對上層底泥與下層底泥進行水質參數之監測，才能夠將更多參數納入考量，本計畫目前考慮安全因素及避免樣品間交互污染而未在現場直接量測，在未來計畫中應設法克服。目前要將現場參數與 TGS 資料亦同納入機器學習之技術上是可行的。

未來現場如何應用部分涉及到定序儀器設備之革新，此部分已經隨著定序設備之創新而逐漸可行，例如 Nanopore technology 公司所生產之 MinION，已經可以帶到現場進行立即之定序 (<https://nanoporetech.com/products/sequence/minion-mk1b>)，但是必須自己建立資料處理的所有 Pipeline 技術，雖然目前資料分析仍相當困難及耗時，但在不久的未來，應是可以克服。

5.7. 台越研討會與技術說明會說明

此次台灣越南之跨海線上研討會是依據本校與越南胡志明市理科學大學 (Vietnam National University, Ho Chi Minh City - University of Science) 之姊妹校交流協議所舉辦，研討會英文名稱是 VNTW2024 Webinar，已經於 113 年 6 月 14 日舉辦，其宣傳海報如圖 5-22a 所示，議程如表 5-6 所示，另於 113 年 6 月 21 日協辦梁振儒老師擔任計畫主持人之土水整治技術聯盟之機器學習於土水整治應用之技術說明會 (海報如圖 5-22b)。

VNTW2024 之我方參與人員為本校環工系盧明俊特聘教授、陳佳吟教授、Remi Chauvy 助理教授、何幸修助理教授、陳湜煊助理教授以及本人，並由工學院院長楊明德教授致歡迎詞，對方則是由 Tô Thị Hiền 教授作為聯繫窗口並於研討會開場時致回應詞。

議程如表 5-6 所示，我方第一位口頭發表者是本校環工系的盧明俊特聘教授，主題為煙道氣中二氧化碳流動床結晶技術，對方第一位發表者是該校工學院前院長 Tô Thị Hiền 教授，題目是胡志明市溫室氣體持續監測研究。我方第 2 位演講者是陳佳吟教授，題目是水環境中無機離子對二硫化鉬奈米管之穩定性研究；對方第 2 位演講者是 Le Tu Thanh 博士，題目是使用純二氧化矽沸石捕捉碘之研究。我方第 3 位演講者是本校環工系的何幸修老師，題目是使用基於離散點的採樣方法量化火災規模研究；對方第 3 位演講者是 Truong Thi Cam Trang 博士，



圖 5-20 風化組樣品之功能預測圖

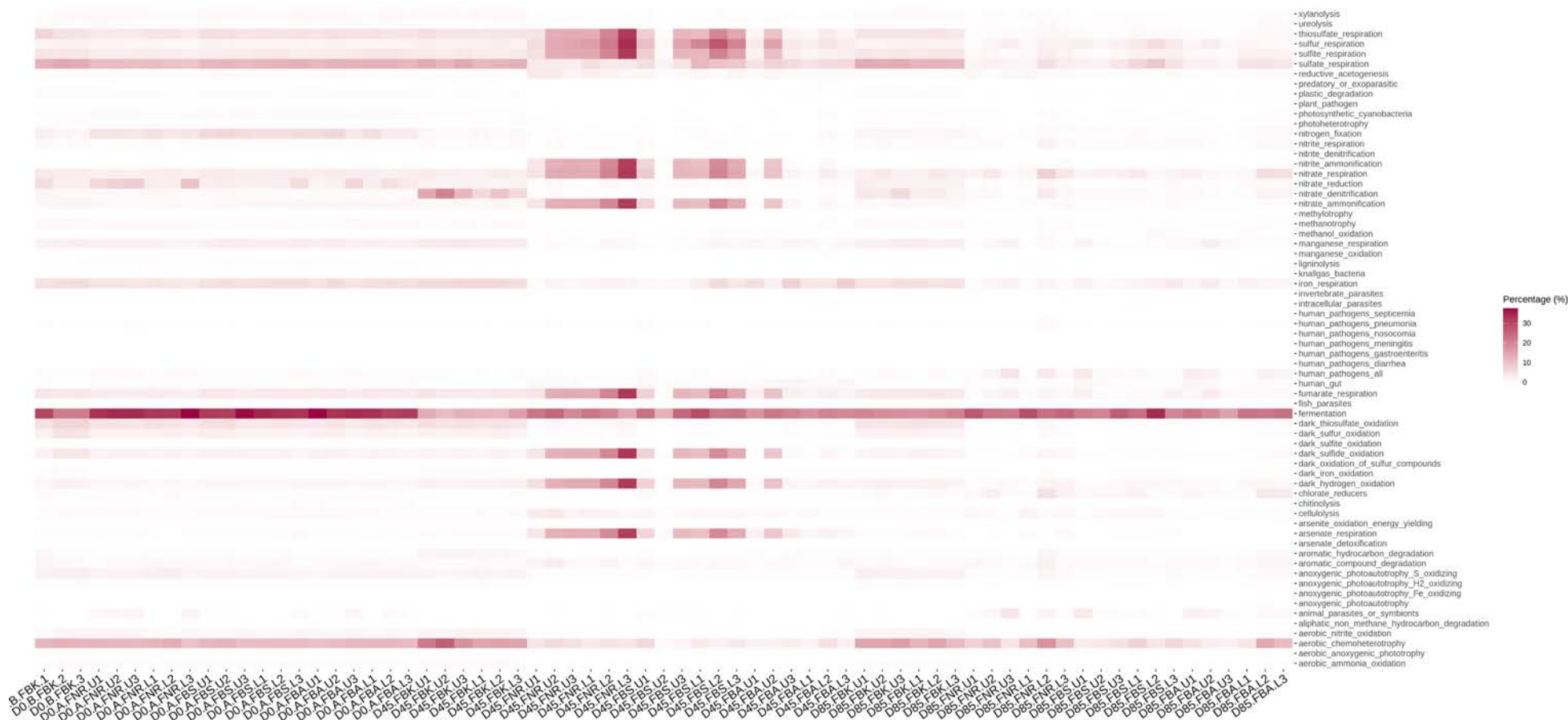


圖 5-21 添加組樣品之功能預測圖



題目是甲殼素水凝膠的製備與性能用作土壤的保濕劑研究。我方第4位演講者是 Dr. Remi Chauvy，題目是空間分析以梳理台灣碳捕獲和利用部署的潛在二氧化碳源匯匹配研究；對方第4位演講者是 Nguyen Ly Sy Phu 博士，題目是越南南部大城市的使用類別不同土地的街道灰塵汞含量研究。我方第5位演講者是陳浸愷老師，題目是污水污泥與都市生活垃圾協同焚燒對磷對重金屬行為的影響研究；對方第5位演講者是 Phan Nhu Nguyet 博士，題目是微生物群落對海綿膜生物反應器與鐵屑處理都市廢水處理性能的反應研究。最後的講者是我本人，題目是 BDE-209 污染底泥整治之模場試驗研究，所發表的就是本計畫的期中報告內容。由於此研討會已經是第3次舉辦，今年對方參與的講者水準有明顯上升，雖然大多僅是講師職位，但都具有博士學位，且口說英文也較以往進步，尤其是研究內容也與世界潮流相當契合，可見越南學術界之進步是相當快的。

此研討會也是為了與越南胡志明理科大學維繫交流管道與提供優秀碩博士生來台攻讀深造之機會，本團隊實驗室在 2023 年藉著教育部之「優秀外國青年來臺蹲點計畫」(Taiwan Experience Education Program) 曾接受 2 位由南胡志明理科大學大四學生 Nguyen Ngoc Bao Nhi 與 Nguyen Thi Thuy Quyen，表現均相當優秀。此研討會也將本校環境工程學系最新進的三位教師何幸修、Dr. Remi Chauvy 與陳浸愷老師與對方見面，建立更為長久之聯繫與人才培育管道。

(a)

2024 VNTW Webinar
Research for a Sustainable Future
June 14, 2024 | 14:00 GMT+8

Announcement
VNTW Webinar Series (VNTW 2024) on Research for a Sustainable Future will be held at 14:00 GMT+8 in National Chung Hsing University (NCHU) on June 14, 2024.
Venue: R404, Department of Environmental Engineering, NCHU
Please join us at "meet.google.com/wfj-ogdu-arp"

Themes
Air pollution control
Net zero by 2050
Water treatment
Environmental remediation and biotechnology

It is our great pleasure to invite you to join this VNTW Webinar series on the Research for a Sustainable Future. This event is to enhance the academic exchange and collaboration between the University of Science, Vietnam National University Ho Chi Minh City, Vietnam and National Chung Hsing University, Taiwan.

We bring together the brilliant minds for a more sustainable future.

(b)

國立中興大學人才訓練課程
2024.06.21(五)
13:00 - 16:00
地點：國立中興大學 土木環工大樓 4樓 409室

**初探AI於土壤及地下水污染
整治及調查之潛在發展應用**

講師 / 張書奇 教授
國立中興大學環工程學系

講師 / 林禹豪 教授
國立中興大學環工程學系

主題 I 何謂AI
主題 II AI於環工應用-案例介紹
主題 III 機器學習應用於三氯乙烯快速生物降解之研究

土壤及地下水
整治技術聯盟

圖 5-22 113 年 6 月 14 日 VNTW2024(a)與 21 技術說明會(b)宣傳海報

表 5-6 VNTW2024 議程

No.	Topic	Presenter	Title	Start	End
01	Welcome speech	Dr. Ming-Der Yang	Engineering Dean, NCHU	14:00	14:05
02	Welcome speech	Prof. Po-Hsiung Lin	Department Chair, NCHU	14:05	14:10
Group Photo					
1	Keynote speech 2: Fluidized bed homogeneous crystallization technology for capture of carbon dioxide from flue gas	Dr. Ming-Chun Lu	Distinguished Professor, NCHU	14:10	14:25
2	Keynote speech 1: Continuous measurement of greenhouse gases in Ho Chi Minh City	Dr. Tô Thị Hiền	Associate Professor, HCMUS	14:25	14:40
3	Influence of inorganic anions on the chemical stability of molybdenum disulfide nanosheets in the aqueous environment	Dr. Chiaying Chen	Professor, NCHU	14:40	14:55
4	Capture of iodine using pure-silica zeolite	Dr. Le Tu Thanh	Lecturer, HCMUS	14:55	15:10
5	Fire size quantification with a discretized point-based sampling approach	Dr. Hsin-Hsiu Ho	Assistant Professor, NCHU	15:10	15:25
6	Preparation and properties of chitin hydrogel applied as moisture- supporter for soil	Dr. Truong Thi Cam Trang	Lecturer, HCMUS	15:25	15:40
7	Spatial analysis to tease out prospective CO2 source-sink matches for carbon capture and utilization deployment in Taiwan	Dr. Remi Chauvy	Assistant Professor, NCHU	15:40	15:55
8	Street dust mercury levels among different land-use categories in southern Vietnam megacity	Dr. Nguyen Ly Sy Phu	Lecturer, HCMUS	15:55	16:10
9	Co-incineration effect of sewage sludge and municipal solid waste on the behavior of heavy metals by phosphorus	Dr. Min-Hsuan Chen	Assistant Professor, NCHU	16:10	16:25
10	Microbial community response to treatment performance in a Sponge-Membrane Bioreactor coupled with iron scraps for municipal wastewater treatment	Dr. Phan Nhu Nguyet	Lecturer, HCMUS	16:25	16:40
11	Pilot study on remediation of sediments contaminated by BDE-209	Dr. Shu-Chi Chang	Associate Professor, NCHU	16:40	16:55
Concluding remarks					



5.8. 實務應用的適用情境及限制

ISPIE/BiRD 技術在應用情境及其限制部分可分為五方面：污染物、底泥條件、水文天候、大規模施作條件與設計，以及乳化液配製，以下依序說明。

污染物部分，目前經過驗證可應用於靈丹 (γ -HCH)、DDT、六氯苯、多氯聯苯、BaP 與 BDE-209。已試驗過之污染物相關物理化學特性列表如表 5-7 (Kwon et al., 2006; Mackay and Hickie, 2000; Unknown, 2015b)，由此表可見，適用之污染物均屬於疏水性有機污染物，有鹵化與非鹵化之污染物，結構式可含苯環或不含苯環（如 γ -HCH），最主要之因子是 $\log K_{ow}$ 值應介於 3.7-10.0 之間，水中溶解最好小於 10.0 mg/L（或是 10,000 $\mu\text{g/L}$ ）且屬於在自然條件下難以降解之污染物，此為目前所知的污染物應範圍與限制。

表 5-7 典型持久性有機污染物之物理化學特性

污 染 物	分子量 (g/mole)	$\log K_{ow}$ 值	蒸氣壓 (Pa, 25°C)	水中溶解度 ($\mu\text{g/L}$)
HCB	284.78	5.73	1.09×10^{-5}	6
Aroclor 1254	328.0	6.5	7.71×10^{-5}	12, 57
γ -HCH	290.83	3.72	4.20×10^{-5}	7300
DDT	354.51	5.18; 6.91	1.60×10^{-7}	25
BaP	252.3	6.04	7.0×10^{-7}	3.8
BDE-209	959.2	10.0	4.63×10^{-6}	<0.1

底泥條件部分，較為適合之底泥溫度不宜過低，最好是在均溫在 20°C 以上，30°C 左右尤佳（參見田口實驗結果）且黏粒成分建議應在 15% 以下，其餘 pH 值與乳化液濃度是工程上可調整之參數，有機質不是顯著因子，亦即其變動不致影響結果過多，故大部分均可適用。

水文天候部分則是應避開洪汛期間，因為一則現地整治設施易遭破壞且底泥可能流失，一則增加操作難度與人員安全風險。由於大部分地區均有枯水期與豐水期之分，本技術適用於枯水期進行，且因工期短（70-140 天之間即完成整治），故可於單一枯水期即完成，此為現地水地質條件之應用範圍與限制。

現地整治之大規模施作時應考慮以下因素：(1) 確定現地污染濃度之熱區（hot spot）；(2) 確定底泥深度 0 至 30 公分並無明顯阻礙物；(3) 預先完成可插入底泥中進行熱乳化液灌注與回收之設備；(4) 可吊掛該設備之船隻；(5) 可在該船隻上進行現場加熱與稀釋之設備。欲確定現地污染濃度之熱區（hot spot），可由底泥中總有機碳（total organic carbon, TOC）掃描結果得知。另一主要限制可能在於目前部分底泥環境過於髒亂，有大型建築廢棄物者將較不易進行，因為灌



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

注設施仍需壓入底泥中才能施作，如有混凝土塊或是巨石將阻礙機具壓入之施作程序，此部分必須排除。預先完成可插入底泥中進行熱乳化液灌注與回收之設備，本技術因為須將熱乳化劑直接注入底泥中，故必須要有客製化之半封閉式灌注及回收設施。本技術仍然有其限制，因為是將溫熱之水在油中乳化液自底泥下方向上傳輸，故底泥之水力傳導係數必須在合理範圍內，如果是屬於黏土質，則可能等候 4.0 PV 追加水之流經 25 公分時間可能過長。因此，在表層底泥為砂質壤土之場址最為可行，如台南安順廠之海水池底泥以及此計畫之南崁溪下游匯流處場址就是一極為理想之應用場址。依據目前在現場整治之經驗，每次颱風暴雨之後，河道中之底泥搬遷與重新沉降之厚度可超過 10 公分，由於本試驗有事先在實驗底泥上方加鋪一層白色石英砂，尚可區辨新近沉降之底泥現場底泥，在大規模整治時應該考慮此點，應在完成自然回收作業後，在底泥上方也加鋪一層乾淨之石英砂。本技術研發初衷即希望能在枯水期完成整治，避免最後整治成果驗證之困難度。可吊掛該設備之船隻與船隻上進行現場加熱與稀釋之設備均屬於既有船隻之設備或是購置固定於船隻上使用即可，無須再行研發。

在乳化液配製方面，與執行方法所述相同，使用之非離子型疏水性界面活性劑與大豆油先行混合 15 分鐘，親水性界面活性劑先混合 30 分鐘，再加入熱水以大型攪拌機混合，比率約為稀釋 5 倍，待降溫後即保存備用。由於量過大無法滅菌，通常於使用前才製備。現場使用時，再另行以加熱至約 70°C 之自來水或是清水進行稀釋至 20 倍後，立即加壓灌入底泥中，維持 30 分鐘後，追加 4.0 PV 之清水，即可完成單次現地相反轉之污染物回收作業，依照本實驗室以往實驗結果，多次與單次相反轉之效果並無顯著差異，故進行一次即可。每一管柱所施加之壓力依底泥之質地組成略有不同，需視情況加壓。

5.9. 現地條件對於相反轉乳化機制之影響

現地條件包括漲退潮與鹽度，漲潮時因為海水流入河口，和水鹽度會上升，反之，退潮時因為海水流出河口，河水鹽度下降且部分河底之底泥露出曝曬，以下先針對鹽度之影響，再就可能露出水面以及曝曬之影響討論。

就目前所知，鹽度對相反轉乳化液有顯著影響，過高之離子濃度對乳化系統之穩定均有影響，有可能造成正面或是負面影響。有學者曾經針對 octoxynol 9 NF 之非離子型界面活性劑之乳化進行研究，發現疏水相之物質也有影響，因為該界面活性劑可能原本就與待乳化之疏水相物質不互溶。硝酸鹽類似乎較硫酸鹽類之影響較大，如果是原本可以溶入之疏水相物質可能因為鹽類加入而不穩定，但原本不互溶之疏水相物質可因加入鹽類而提升溶入之程度(Schott and Royce, 1983)，在本計畫中之陰離子以 Cl^- 、 SO_4^{2-} 與 Br^- ，所以對疏水相之影響相對較小。



另有學者研究與本研究所使用之乳化液系統較接近之 Tween 系列之非離子型界面活性劑之乳化液穩定性，發現加入 0 - 0.050M 之 NaCl 情況下，油顆粒大小無明顯變化（表示乳化穩定），但在 1.0 M 以上時，可能會有破乳化及油水分層情況發生(Hsu and Nacu, 2003)。由此看來，個別乳化系統（視疏水相與界面活性劑而定）對於鹽類濃度之耐受性不同，以本研究之乳化液而言，鹽度之影響應尚在可控範圍之內，尚不至於達到破乳化與油水分層之程度。

就 ISPIE 操作而言，BDE-209 去除率與底泥鹽度和 BDE-209 在油相中的有效溶解度有關。本研究的底泥採樣位置靠近南崁溪河口，相對鹽度較高。透過不同離子析出（salting out）或析入（salting in）對 O/W 乳液穩定性的影響發現：各種鹽的濃度在不同濃度範圍內都會提高或降低乳液的穩定性。穩定性隨著鹽濃度從 0 增加到 10,000 ppm 而增加。超過這個濃度範圍，穩定性隨著鹽度的增加而降低。提高穩定性的離子順序為 $\text{MgCl}_2 > \text{CaCl}_2 > \text{Na}_2\text{SO}_4 > \text{NaCl}$ (Shafiei et al., 2022)。在本研究的系統中，最關鍵的鹽應該是 NaCl，在 500 - 2,000 ppm 的濃度範圍內，它在 ISPIE 操作過程中可能不會顯著影響乳化液穩定性。另一個原因是每種疏水污染物在油相中的有效溶解度取決於其莫耳分率及其在植物油中的溶解度，由於南崁溪底泥中存在大量疏水性污染物，且 BDE-209 具有較高的分子量（959.17 g/mol），因此 BDE-209 的莫耳分率（mole fraction）將低於其他污染物，因此有效溶解度較低(Wiedemeier et al., 1999)。既然在油中的有效溶解度較低，所以 ISPIE 之操作回收效率也較低。例如，六氯苯（HCB）和 Aroclor 1254 的分子量分別為 284.8 克/摩爾和 326.42 克/摩爾。在相同的 10 毫克/公斤濃度下，BDE-209 的莫耳分率將小於其他兩種的 1/3。此外，底泥中的原有 BDE-209 濃度通常遠低於其他污染物（通常低於 0.7 mg/kg），使得 BDE-209 的莫耳分率低，因此有效溶解度也低，所以 BDE-209 之回收去除率也相對較低。

此外，漲潮時，底泥均在水下，所有孔隙較容易為河水充滿，上層底泥在漲潮初期可能尚有孔隙中充滿空氣或是溶氧較高之河水進入淹沒之狀態，故上層底泥在初漲潮時可呈現好氧或是兼氣狀態，須待上層底泥孔隙中氧氣耗盡後，才會再度回到厭氧狀態，好氧或兼氣情況下，**乳化液之殘存油份比 BDE-209 更容易為微生物所利用，故 BDE-209 降解效率不彰；下層底泥則是自始至終均充滿無氧水，而始終處在厭氧狀態下，BDE-209 之厭氧生物降解可持續進行，故去除率也較高。**因此，漲退潮對上層底泥 BDE-209 生物降解有不利影響，故對整體降解效率也有負面影響；由此，也可以推論較為遠離河口且無明顯感潮河段之底泥，其降解情況應較佳，這可能也是二仁溪中污染底泥整治效果較佳之因素之一（模場試驗場址離河口較遠且潮差較小）。



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

5.10. 重金屬對於 BiRD 之影響

一般而言，重金屬對微生物之影響大多為負面，如土壤中重金屬可導致土壤微生物對碳源代謝減緩(Giller et al., 1998)，例如 Cr(VI)和 Cd(II)對固氮菌生長的不利影響，重金屬濃度為 150-300 mg/L 時，微生物之生物質量減少超過 50% (Diaconu et al., 2020)。銅在微量時是許多微生物生物酶之共同因子 (cofactor)，但在高濃度時，銅可視為殺菌劑，通常 1.33 mM (84.5 mg/L) 是用來區辨細菌是否屬於耐受銅細菌或是非耐受銅細菌(Trevors and Cotter, 1990)，本計畫之場址中銅之濃度多在 157 mg/kg 以上，若場址中無過量之 S^{2-} 與其形成沉澱，可能對 BiRD 有負面之影響。細菌對鋅之耐受性差異甚大，*Aspergillus niger* 對 1000 mg/L 之鋅不敏感，但 *Pseudomonas putida* 在 pH 值為 8.0 時對鋅之 EC50 為 0.14 mg/L(van Beelen and Fleuren-Kemilä, 1997)。綜合而言，超過上限值之重金屬濃度對於微生物降解 BDE-209 應具有負面影響。

5.11. 本技術之成本效益分析與說明

本技術之成本效益分析如下，首先計算乳化液單次使用之成本如表 5-8 所示，計算之標準是以 30 cm 厚且 1.0 m 見方，即 $0.3 \text{ m} \times 1.0 \text{ m} \times 1.0 \text{ m} = 0.3 \text{ m}^3$ 底泥體積，單次操作需要 $0.3 \text{ m}^3 \times 0.35$ (孔隙率) = $0.105 \text{ m}^3 \times 1,000 \text{ L/m}^3 = 105 \text{ L}$ (孔隙體積)，乘上單價 2.3 元/L，故單次 ISPIE 操作所需乳化液成本為 241 元/次。

表 5-8 大量乳化液製作成本估算

項次	名稱	單價(元)	單位	數量	金額(元)	備註
1	露天塔槽	15	元/批次	1	15	2.0 m ³ ，售價 15,000 元/個，可製作 1,000 批次
2	攪拌機	5	元//批次	1	5	售價 5,000 元/個，可製作 1,000 批次
3	加熱設施	5	元/批次	1	5	售價 5,000 元/個，可製作 1,000 批次
4	管件等	0.5	元//批次	1	1	售價 1,000 元/個，可製作 1,000 批次
5	水	12	元/m ³	2	24	51 度以上，每度 12 元
6	界面活性劑	47	元/L	81.8	3,845	大宗價格 47 元/L
7	大豆油	9	元/kg	9.1	82	大宗價格 9,000 元/噸
8	電力	3.66	kw-hr	100	366	331-700 度，每度 3.66 元
9	包裝	200	式	1	200	
10	其他	50	式	1	50	
合 計					4,592	元/2,000L
預估成本					2.30	元/L

此外，實場整治時之費用估計如表 5-9 所示。故以 ISPIE 每整治 1 m² 污染底泥之成本約為 1,593 元/次。若以目前南坎溪目前河灘地估算，約有 40,000 m² 需



結果與討論

(或 12,000 m³) 要整治，總整治成本約為 63,736,800 元。成本計算時，通常還須將年利息、年償債基金、年中期換新準備金及年稅捐保險費。由於預計工期可在籌備一年後，並在一次枯水期中完成，總投資金額為成本金額之 1.1 倍，即 70,110,480 元，年利息以 12% 計，以 2 年計算，則是 87,946,586 元，年償債基金為 $0.12/(1.12)=0.1071$ ，即 9,422,849 元，年稅捐保險費微 0.62%，即 545,269，全部合計為 97,914,703 元。年中期換新準備金與運轉與維護成本合併以 3% 計，**全部合計為 100,852,144 元。**

表 5-9 每 m² 單次操作成本估算

項次	名稱	單價(元)	單位	數量	金額(元)	備註
1	水	12 元/m ³		0.42	5.0	51 度以上，每度 12 元
2	幫浦	2.5 元/次		1	2.5	5,000 元/部，可操作 2,000 次
3	管線	0.5 元/次		1	0.5	1,000 元/式，可操作 2,000 次
4	設備	25 元/次		1	25.0	50,000 元/部，可操作 2,000 次
5	電力	6.24 元/kw-hr		200	1,248.0	701-1,000 度，每度 6.24 元
6	特殊裝備	10 元/次		1	10.0	客製化 100,000 元/部，預計可用 10,000 次
7	石英砂	0.1 元/m ³		613	61.3	350 元/噸或是 613 元/M ³
合 計					1,593	元/次

表 5-10 本技術之效益估算

效益	項目	計量方式	單位	金額
可計量 效益	人員生命保護效益	人口數	人	2,543
		人口數×生命價值	元	508,668,000
	土地利用效益	增加受保護面積×土地生產(或利 用)單價	元	NA
		作物保護效益(面積×單位面積收益)	元	NA
		屋舍保護效益(數目×修建費用)	元	NA
		古蹟保護效益(古蹟數量×價值)	元	NA
	地上物保護效益	公共設施保護效益	元	NA
		河道減淤效益(整理面積×深度×單價)	元	NA
		水庫減淤效益(清淤量(立方公尺)×單價)	元	NA
	防砂效益	洪峰流量降低效益(1)(逕流係數)	cms	NA
		洪峰流量降低效益(2)(集流時間)	cms	NA
		洪水減量或水源涵養		
	效益或 滯洪效益	防砂壩上游蓄水效益(1)(涵養水 量×水價)	元	NA
		坡面土體蓄水效益(2)(涵養水量×水價)	元	NA
	工程維護效益	工程維護效益(工程費 5~10%)	元	NA
		土石量×清除單價	元	NA
	交通及觀光效益	可增加觀光或商務人數×平均一 天消費	元	NA
		減少道路阻斷天數×平均日生產事業總值	元	NA
不可計量 效益	社會效益	直接效益總和之 20%。	元	101,733,600

效益部分計算借鑑「雲林縣易淹水區域排水及縣管河川上游集水區整體治理



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

規劃」之成本效益分析(如表 5-10)，可得總效益為 610,401,600 元，**效益/成本比例為 6.05**，可見本技術之工程可行性相當高。

為聚焦討論，原成果報告初稿中之本研究團隊歷年研發之技術差異說明見附件十，不同污染物之解決方案及其相關事項見附件十一，本技術與以往技術之差異說明見附件十二，本專案衍生技術專利延續辦理情形見附件十三，機器學習說明見附件十四。

5.12. 結論

本計畫之結論呼應第 2 章之研究目的所獲的結論，條列如下：

1. 就模場試驗之不同深度底泥在 ISPIE/BiRD 之移除效率之差異探討結果是：ISPIE 操作部分，風化組之上層底泥因 ISPIE 技術將原先 $14.9 \pm 7.9\%$ 之污染物去除，下層底泥去除 $29.0 \pm 9.9\%$ 之原先污染物，平均為 21.9%；添加組之上層底泥因 ISPIE 技術將原先 $33.6 \pm 12.8\%$ 之污染物去除，而下層底泥則去除 $42.5 \pm 8.6\%$ 之原先污染物，平均為 38.1%。上下層差異的可能原因有因乳化液溫度不同。因為 ISPIE 操作方式使得下層底泥之污染物比上層底泥更能完整地接觸水在油中乳化液（兩相重新分布時接觸機會高），且下層底泥之溫度較上層底泥溫度高（兩相重新分布時質傳速率較快）。風化組較添加組較低之最可能原因是初始濃度之差異，風化組約為添加組的 1/54，估計油相中有效溶解度也可能相差約 50 倍，此巨大差異也可能導致添加組去除率較高；另添加組所使用之 DMSO（風化組無 DMSO）也可能是原因之一。
2. 在不同環境條件（含漲潮及距河口距離）對 BDE-209 降解之影響結論為：漲潮時，上層底泥在初漲潮時可呈現好氧或是兼氣狀態，須待溶氧氣耗盡，才回到厭氧狀態，此情況下，乳化液之殘存油份比 BDE-209 更容易為微生物所利用，故 BDE-209 降解效率不彰；下層底泥則是始終處在厭氧狀態下，BDE-209 之厭氧生物降解可持續進行，故去除效率也較高。較為遠離河口且無明顯感潮河段之底泥，其降解情況應較佳，這可能也是二仁溪中污染底泥整治效果較佳之因素之一（模場試驗場址離河口較遠且潮差較小）。
3. 模場試驗風化組與添加組之 BiRD 移除率差異原因結論為：風化組有較長之延滯期（lag period），可能原因為風化組之 BDE-209 濃度在現場底泥中可能較其他鹵化有機污染物濃度為低，需要等其他污染物濃度降低之後才有機會被使用為電子接受者；另一原因則是風化組中的 BDE-209 可能是屬於強烈吸附於底泥有機質之 BDE-209，不易脫附並溶入乳化液或水中所致。
4. ISPIE/BiRD 應用於南崁溪底泥污染整治是否具有工程可行性結論為具有高度



之工程可行性。在 85 天操作時間中，風化組最佳可去除 68%，而添加組最佳可去除約 84%。成本效益分析顯示效益/成本比例為 6.05 倍，所以 ISPIE/BiRD 具有高度之工程可行性。

5. 模場試驗之 TGS 資料分析對未來實場整治之助益，TGS 資料分析可分為三方面，一為高豐度菌種主要為產生氫氣與乙酸之發酵菌；二為 Diversity 之差異，較佳之組別均有明顯 shannon index 下降之趨勢；三為功能預測部分，可見所有較佳之組別均有類似之主要功能基因型態。此三種特性有助於未來整治時應觀察之重點。但必須考慮 TGS 檢測所需之 1.5 至 2.0 個月的時間。
6. 此計畫之機器學習部分已經確認 LASSO 模式可以從 TGS 的 ASVs 有效預測 BDE-209 降解情形，油訓練、測試與交叉驗證三階段之 R^2 可達到 1.0000、0.9999 與 1.0000。但是，要達到高精準度之預測，必須收集至少 250 種 ASVs 之 copy 數的訊息。在未來工程應用上，可能必須將可攜式 TGS 平台至現場進行採樣、現場萃取、定序與立即進行資料分析，雖然目前資料分析仍相當困難及耗時，但在不久的未來，應是可以克服。在未來實場整治之工程應用性相當高。

5.13. 主要建議意見及未來或後續執行建議

針對本計畫之執行所獲得之經驗，並斟酌國際間發展方向，整理出立即可行與中長程之主要建議意見及未來或後續執行建議，說明如表 5-11 及 5-12 所示。

表 5-11 立即可行建議意見及未來或後續執行建議

項次	建議意見
1.	鑒於南崁溪彩虹橋上游底泥中重金屬汞濃度有可能超標情形且可能高毒性之甲基汞佔比較大，建議進行大規模之採樣檢測及風險評估，避免影響國民健康及生態健全。
2.	建議建立我國土水環境生物質體庫，以掌握土壤、地下水及底泥中具有高度降解目標污染物之本土菌種及菌群基因資料大型數據庫 (data warehouse)，並利用生物資訊學與生物統計技術進行高效率資料驅動型式 (data-driven) 之研發，可望建立台灣自有之 environmental genomics 專家群，提升國內廠商之生物整治能力。
3.	隨著土壤地下水與底泥研究之 metagenomic 資料持續增加，建議在來年之研究專案中增加人工智慧及機器學習之相關應用計畫之經費補助與跨領域合作。
4.	隨著 2050 淨零碳排之倡議且生物整治可能產生大量之 CH_4 與 CO_2 而成為相對較不永續之技術方案，建議針對未來生物整治技術也應著重負碳技術之研究開發。



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

表 5-12 中長程建議意見及未來或後續執行建議

項次	建議意見
1.	建議針對我國養殖池底泥、近海河口底泥、埤塘底泥進行長期採樣檢測、監測、風險評估、復育與整治技術研發，並建立全國資料庫。
2.	因在二仁溪及南崁溪均採得 BDE-209 超過 20 mg/kg 之樣品，建議將多溴二苯醚納入目前之「底泥品質指標之分類管理及用途限制辦法」之管制項目中。
3.	ISPIE/BiRD 技術對大多數持有性有機污染物與地下水中 NAPL 污染整治均顯示效果極佳，可建立通用技術平台。



參考文獻

- Adriaens P, Li MY, Michalak AM. Scaling methods of sediment bioremediation processes and applications. *Engineering in Life Sciences* 2006; 6: 217-227.
- Afrizal A, Hitch TC, Viehof A, Treichel N, Riedel T, Abt B, et al. Anaerobic single-cell dispensing facilitates the cultivation of human gut bacteria. *Environmental Microbiology* 2022; 24: 3861-3881.
- Allchin CR, Boer Jd. Results of a comprehensive survey for PBDEs in the River Tees. UK, Organohal. Compds. 2001; 52: 30-34.
- Allchin CR, Law RJ, Morris S. Polybrominated diphenylethers in sediments and biota downstream of potential sources in the UK. *Environmental Pollution* 1999; 105: 197-207.
- Alvarez PJJ, Illman WA. *Bioremediation and Natural Attenuation*. Hoboken, NJ: John Wiley & Sons, Inc., 2006.
- An T, Chen J, Li G, Ding X, Sheng G, Fu J, et al. Characterization and the photocatalytic activity of TiO₂ immobilized hydrophobic montmorillonite photocatalysts: Degradation of decabromodiphenyl ether (BDE 209). *Catalysis Today* 2008; 139: 69-76.
- Beaty P, McInerney M. Growth of *Syntrophomonas wolfei* in pure culture on crotonate. *Archives of microbiology* 1987; 147: 389-393.
- Belenguer A, Duncan SH, Calder AG, Holtrop G, Louis P, Lobley GE, et al. Two routes of metabolic cross-feeding between *Bifidobacterium adolescentis* and butyrate-producing anaerobes from the human gut. *Applied and environmental microbiology* 2006; 72: 3593-3599.
- Burgess RM, Perron MM, Friedman CL, Suuberg EM, Pennell KG, Cantwell MG, et al. Evaluation of the effects of coal fly ash amendments on the toxicity of a contaminated marine sediment. *Environmental toxicology and chemistry* 2009; 28: 26-35.
- Buser HR. Polybrominated dibenzofurans and dibenzo-p-dioxins: thermal reaction products of polybrominated diphenyl ether flame retardants. *Environmental Science & Technology* 1986; 20: 404-408.
- Buxton H. Emerging contaminants in our water resources: Research–assessment–monitoring. New Jersey Water Monitoring and Assessment Technical Workshop. U.S. Geological Survey., New Jersey, 2006.
- Camp TR, Stein PC. Velocity gradients and internal work in fluid motion. *Journal of the Boston Society of Civil Engineers*. 1943; 30: 219-237.
- CCME. Canadian sediment quality guidelines for the protection of aquatic life: Introduction. Updated. Canadian environmental quality guidelines, 1999. Canadian Council of Ministers of the Environment, Winnipeg, Canada, 2001.
- CEPA. Ecological screening assessment report on polybrominated diphenyl ethers (PBDEs). In: Agency CEP, editor. Canada Environmental Registry™. Environment Canada, Ottawa, Ontario, Canada, 2006, pp. 4-7.
- Chan A-L, Tseng C-Y, Chen T-W, Lo Y-H, Chang S-C. Microbiome Reengineering by Heat Selection for Rapid Biodegradation of Trichloroethylene with Minimal Vinyl Chloride Formation. *Water, Air, & Soil Pollution* 2021; 232: 121.
- Chang F-Y, Lin C-Y. Biohydrogen production using an up-flow anaerobic sludge blanket reactor. *International Journal of Hydrogen Energy* 2004; 29: 33-39.
- Chang S-C, Chiang P-Y, Yu Y-H, Chen T-W, Luo Y-S, Tsai L-C, et al. Soybean oil nanoemulsion and magnetite nanoparticle as remediation enhancers for river sediment: from lab to field. *Journal of Soil and Groundwater Remediation* 2014; 1: 141-164.
- Chang S-C, Lee S-K, Chen T-W. Effective removal of Aroclor 1254 and hexachlorobenzene in river sediments by coupling in situ phase-inversion emulsification with biological reductive dechlorination. *Journal of Contaminant Hydrology* 2019a; 221: 108-117.
- Chang S-C, Lin S-J, Chen T-W, Lin Y-T. A biocide-free mineral oil nanoemulsion exhibiting strong bactericidal activity against *Mycobacterium immunogenum* and *Pseudomonas aeruginosa*. *International Biodeterioration & Biodegradation* 2012a; 70: 66-73.
- Chang S-C, Wang W-T, Chen Y-J, Chen T-W, Chiang P-Y, Lo Y-S. Emulsion-enhanced recovery and biodegradation of decabrominated diphenyl ether in river sediments. *Journal of Soils and Sediments* 2017; 17: 1197-1207.
- Chang S-C, Wu M-H, Chen T-W. Emulsion-enhanced remediation of lindane and DDT in soils. *Journal of Soils and Sediments* 2021; 21: 469-486.
- Chang S-C, Yeh C-W, Lee S-K, Chen T-W, Tsai L-C. Efficient remediation of river sediments contaminated by polychlorinated biphenyls and hexachlorobenzene by coupling *in situ* phase-inversion emulsification and biological reductive dechlorination. *International Biodeterioration & Biodegradation* 2019b; 140:



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

- 133-143.
- Chang S-C, Yu Y-H, Li C-H, Wu C-C, Lei H-Y. Highly Efficient Arsenic Removal Using a Composite of Ultrafine Magnetite Nanoparticles Interlinked by Silane Coupling Agents. *International Journal of Environmental Research and Public Health* 2012b; 9: 3711-3723.
- Chang Y-T, Lo T, Chou H-L, Laio Y-F, Lin C-C, Chen H-T. Anaerobic biodegradation of decabromodiphenyl ether (BDE-209)-contaminated sediment by organic compost. *International Biodeterioration & Biodegradation* 2016; 113: 228-237.
- Chao H-R, Wang S-L, Lee W-J, Wang Y-F, Pöpke O. Levels of polybrominated diphenyl ethers (PBDEs) in breast milk from central Taiwan and their relation to infant birth outcome and maternal menstruation effects. *Environment International* 2007; 33: 239-245.
- Chen S, Niu L, Zhang Y. *Saccharofermentans acetigenes* gen. nov., sp. nov., an anaerobic bacterium isolated from sludge treating brewery wastewater. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2010; 60: 2735-2738.
- Cheng J-O, Cheng Y-M, Chou C-T, Hsiao Y-C, Ko F-C, Chen T-H. Protein Expression Profile in Juvenile Zebrafish (*Danio rerio*) Exposed to PBDE-47. *Platax* 2008; 5: 39-46.
- Cheng J-O, Ko F-C. Occurrence of PBDEs in surface sediments of metropolitan rivers: Sources, distribution pattern, and risk assessment. *Science of The Total Environment* 2018; 637-638: 1578-1585.
- Cheng L, He Q, Ding C, Dai L-r, Li Q, Zhang H. Novel bacterial groups dominate in a thermophilic methanogenic hexadecane-degrading consortium. *FEMS microbiology ecology* 2013; 85: 568-577.
- Cheng Y-H, Chang S-C, Lai Y-L, Hu C-C. Microbiome reengineering by four environmental factors for the rapid biodegradation of trichloroethylene. *Journal of Environmental Management* 2023; 326: 116658.
- Chou T-H, Ou M-H, Wu T-Y, Chen D-Y, Shih Y-h. Temporal and spatial surveys of polybromodiphenyl ethers (PBDEs) contamination of soil near a factory using PBDEs in northern Taiwan. *Chemosphere* 2019; 236: 124117.
- Cornelissen G, van Noort PCM, Govers HAJ. Desorption kinetics of chlorobenzenes, polycyclic aromatic hydrocarbons, and polychlorinated biphenyls: Sediment extraction with Tenax® and effects of contact time and solute hydrophobicity. *Environmental Toxicology and Chemistry* 1997a; 16: 1351-1357.
- Cornelissen G, van Noort PCM, Parsons JR, Govers HAJ. Temperature Dependence of Slow Adsorption and Desorption Kinetics of Organic Compounds in Sediments. *Environmental Science & Technology* 1997b; 31: 454-460.
- Coulibaly KM, Long CM, Borden RC. Transport of Edible Oil Emulsions in Clayey Sands: One-Dimensional Column Results and Model Development. *Journal of Hydrologic Engineering* 2006; 11: 230-237.
- Criddle CS, DeWitt JT, McCarty PL. Reductive dehalogenation of carbon tetrachloride by *Escherichia coli* K-12. *Applied and Environmental Microbiology* 1990; 56: 3247-3254.
- Cruz Ramos H, Hoffmann T, Marino M, Nedjari H, Presecan-Siedel E, Dreesen O, et al. Fermentative metabolism of *Bacillus subtilis*: physiology and regulation of gene expression. *J Bacteriol* 2000; 182: 3072-80.
- Darnerud PO, Eriksen GS, Jóhannesson T, Larsen PB, Viluksela M. Polybrominated diphenyl ethers: occurrence, dietary exposure, and toxicology. *Environmental Health Perspectives* 2001; 109: 49-68.
- DeCarlo V. Studies on brominated chemicals in the environment. *Ann NY Acad Sci* 1979; 320: 678-681.
- Deng D, Guo J, Sun G, Chen X, Qiu M, Xu M. Aerobic debromination of deca-BDE: Isolation and characterization of an indigenous isolate from a PBDE contaminated sediment. *International Biodeterioration & Biodegradation* 2011; 65: 465-469.
- Diaconu M, Pavel LV, Hlihor R-M, Rosca M, Fertu DI, Lenz M, et al. Characterization of heavy metal toxicity in some plants and microorganisms—A preliminary approach for environmental bioremediation. *New Biotechnology* 2020; 56: 130-139.
- Dodder NG, Strandberg B, Hites RA. Concentrations and Spatial Variations of Polybrominated Diphenyl Ethers and Several Organochlorine Compounds in Fishes from the Northeastern United States. *Environmental Science & Technology* 2001; 36: 146-151.
- Durand G, Cadoret F, Lagier J, Fournier P-E, Raoult D. Description of ‘*Gorbachella massiliensis*’ gen. nov., sp. nov., ‘*Fenollaria timonensis*’ sp. nov., ‘*Intestinimonas timonensis*’ sp. nov. and ‘*Collinsella ihuae*’ sp. nov. isolated from healthy fresh stools with culturomics. *New Microbes and New Infections* 2017; 16: 60-62.
- Dye JA, Venier M, Zhu L, Ward CR, Hites RA, Birnbaum LS. Elevated PBDE Levels in Pet Cats:??Sentinels for Humans? *Environmental Science & Technology* 2007; 41: 6350-6356.
- Förster T, Schambil F, von Rybinski W. Production of fine disperse and long-term stable oil-in-water emulsions by the phase inversion temperature method. *Journal of Dispersion Science and Technology* 1992; 13: 183-193.



參考文獻

- Frederiksen M, Vorkamp K, Thomsen M, Knudsen LE. Human internal and external exposure to PBDEs - A review of levels and sources. *International Journal of Hygiene and Environmental Health* 2009; 212: 109-134.
- Gao H, Wang C, Chen J, Wang P, Zhang J, Zhang B, et al. Enhancement effects of decabromodiphenyl ether on microbial sulfate reduction in eutrophic lake sediments: A study on sulfate-reducing bacteria using *dsrA* and *dsrB* amplicon sequencing. *Science of The Total Environment* 2022; 843: 157073.
- Gerecke AC, Giger W, Hartmann PC, Heeb NV, Kohler H-PE, Schmid P, et al. Anaerobic degradation of brominated flame retardants in sewage sludge. *Chemosphere* 2006; 64: 311-317.
- Gerritsen J, Fuentes S, Grievink W, van Niftrik L, Tindall BJ, Timmerman HM, et al. Characterization of *Romboutsia ilealis* gen. nov., sp. nov., isolated from the gastro-intestinal tract of a rat, and proposal for the reclassification of five closely related members of the genus *Clostridium* into the genera *Romboutsia* gen. nov., *Intestinibacter* gen. nov., *Terrisporobacter* gen. nov. and *Asaccharospora* gen. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2014; 64: 1600-1616.
- Giller KE, Witter E, McGrath SP. Toxicity of heavy metals to microorganisms and microbial processes in agricultural soils: a review. *Soil Biology and Biochemistry* 1998; 30: 1389-1414.
- Gu W, Zhang F, Xu P, Tang S, Xie K, Huang X, et al. Effects of sulphur and *Thiobacillus thioparus* on cow manure aerobic composting. *Bioresource technology* 2011; 102: 6529-6535.
- Guan Y-F, Wang J-Z, Ni H-G, Zeng EY. Organochlorine pesticides and polychlorinated biphenyls in riverine runoff of the Pearl River Delta, China: Assessment of mass loading, input source and environmental fate. *Environmental Pollution* 2009; 157: 618-624.
- He J, Robrock KR, Alvarez-Cohen L. Microbial reductive debromination of polybrominated diphenyl ethers (PBDEs). *Environmental Science & Technology* 2006; 40: 4429-4434.
- Hedaoo M, Gore D, Fadnavis S, Dange M, Soni M, Kopulwar A. Bioinformatics approach in speciation of oil degrading uncultured bacterium and its frequency recording. *J Pharm Res* 2018; 12: 628-635.
- Higashioka Y, Kojima H, Fukui M. Temperature-dependent differences in community structure of bacteria involved in degradation of petroleum hydrocarbons under sulfate-reducing conditions. *Journal of applied microbiology* 2011; 110: 314-322.
- Higashioka Y, Kojima H, Watanabe M, Fukui M. *Desulfatitalea tepidiphila* gen. nov., sp. nov., a sulfate-reducing bacterium isolated from tidal flat sediment. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 2013; 63: 761-765.
- Hites RA. Polybrominated Diphenyl Ethers in the Environment and in People: A Meta-Analysis of Concentrations. *Environmental Science & Technology* 2004; 38: 945-956.
- Horn N. *Clostridium disporicum* sp. nov., a saccharolytic species able to form two spores per cell, isolated from a rat cecum. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 1987; 37: 398-401.
- Hotchkiss AK, Rider CV, Blystone CR, Wilson VS, Hartig PC, Ankley GT, et al. Fifteen Years after "Wingspread"--Environmental Endocrine Disruptors and Human and Wildlife Health: Where We are Today and Where We Need to Go. *Toxicol. Sci.* 2008; 105: 235-259.
- Hsu J-P, Nacu A. Behavior of soybean oil-in-water emulsion stabilized by nonionic surfactant. *Journal of Colloid and Interface Science* 2003; 259: 374-381.
- Hung C-M, Chen C-W, Huang C-P, Sheu D-S, Dong C-D. Microbial community structure and potential function associated with poly-3-hydroxybutyrate biopolymer-boosted activation of peroxymonosulfate for waste-activated sludge decontamination. *Bioresource Technology* 2023; 369: 128450.
- Ikonomou MG, Rayne S. Polybrominated diphenyl ethers in an advanced wastewater treatment plant. Part 2: Potential effects on a unique aquatic system. *Journal of Environmental Engineering & Science* 2005; 4: 369-383.
- Jabari L, Gannoun H, Cayol JL, Hedi A, Sakamoto M, Falsen E, et al. *Macellibacteroides fermentans* gen. nov., sp. nov., a member of the family Porphyromonadaceae isolated from an upflow anaerobic filter treating abattoir wastewaters. *Int J Syst Evol Microbiol* 2012; 62: 2522-2527.
- Jang SS, Hirsh DC. Characterization, distribution, and microbiological associations of *Fusobacterium* spp. in clinical specimens of animal origin. *Journal of clinical microbiology* 1994; 32: 384-387.
- Jhong Y-J, Ding W-H. Determination of Polybrominated Diphenyl Ethers in Coastal and River Sediments by Pressurized Liquid Extraction Coupled with Gas Chromatography-Mass Spectrometry. *Journal of the Chinese Chemical Society* 2008; 55: 335-344.
- Jiang J-J, Lee C-L, Fang M-D, Ko F-C, Baker JE. Polybrominated diphenyl ethers and polychlorinated biphenyls in sediments of southwest Taiwan: Regional characteristics and potential sources. *Marine Pollution Bulletin* 2011; 62: 815-823.
- Jonker MTO, Suijkerbuijk MPW, Schmitt H, Sinnige TL. Ecotoxicological Effects of Activated Carbon Addition



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

- to Sediments. *Environmental Science & Technology* 2009; 43: 5959-5966.
- Kanally RA, Bartha R. Cometabolic mineralization of benzo[a]pyrene caused by hydrocarbon additions to soil. *Environmental toxicology and chemistry* 1999; 18: 2186-2190.
- Kanehisa M, Furumichi M, Sato Y, Kawashima M, Ishiguro-Watanabe M. KEGG for taxonomy-based analysis of pathways and genomes. *Nucleic Acids Research* 2022; 51: D587-D592.
- Keum Y-S, Li QX. Reductive Debromination of Polybrominated Diphenyl Ethers by Zerovalent Iron. *Environmental Science & Technology* 2005; 39: 2280-2286.
- Khomyakova MA, Merkel AY, Petrova DA, Bonch-Osmolovskaya EA, Slobodkin AI. *Alkalibaculum sporogenes* sp. nov., isolated from a terrestrial mud volcano and emended description of the genus *Alkalibaculum*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 2020; 70: 4914-4919.
- Klaering K, Hanske L, Bui N, Charrier C, Blaut M, Haller D, et al. *Intestinimonas butyriciproducens* gen. nov., sp. nov., a butyrate-producing bacterium from the mouse intestine. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2013; 63: 4606-4612.
- Kodama Y, Ha LT, Watanabe K. *Sulfurospirillum cavolei* sp. nov., a facultatively anaerobic sulfur-reducing bacterium isolated from an underground crude oil storage cavity. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 2007; 57: 827-831.
- Kodama Y, Watanabe K. *Sulfuricurvum kujiense* gen. nov., sp. nov., a facultatively anaerobic, chemolithoautotrophic, sulfur-oxidizing bacterium isolated from an underground crude-oil storage cavity. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 2004; 54: 2297-2300.
- Koelschbach JS, Mouttaki H, Pickl C, Heipieper HJ, Rachel R, Lawson PA, et al. *Rectinema cohabitans* gen. nov., sp. nov., a rod-shaped spirochaete isolated from an anaerobic naphthalene-degrading enrichment culture. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 2017; 67: 1288-1295.
- Kojima H, Fukui M. *Sulfurisoma sediminicola* gen. nov., sp. nov., a facultative autotroph isolated from a freshwater lake. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2014; 64: 1587-1592.
- Kubo K, Kojima H, Fukui M. Vertical distribution of major sulfate-reducing bacteria in a shallow eutrophic meromictic lake. *Systematic and applied microbiology* 2014; 37: 510-519.
- Kwon T-S, Yang J-S, Baek K, Lee J-Y, Yang J-W. Silicone emulsion-enhanced recovery of chlorinated solvents: Batch and column studies. *Journal of Hazardous Materials* 2006; 136: 610-617.
- La Guardia MJ, Hale RC, Harvey E. Detailed Polybrominated Diphenyl Ether (PBDE) Congener Composition of the Widely Used Penta-, Octa-, and Deca-PBDE Technical Flame-retardant Mixtures. *Environmental Science & Technology* 2006; 40: 6247-6254.
- Lacorte S, Guillamon M, Martinez E, Viana P, Barcelo D. Occurrence and Specific Congener Profile of 40 Polybrominated Diphenyl Ethers in River and Coastal Sediments from Portugal. *Environmental Science & Technology* 2003; 37: 892-898.
- Li A, Rockne KJ, Sturchio N, Song W, Ford JC, Buckley DR, et al. Polybrominated Diphenyl Ethers in the Sediments of the Great Lakes. 4. Influencing Factors, Trends, and Implications. *Environmental Science & Technology* 2006; 40: 7528-7534.
- Li A, Tai C, Zhao Z, Wang Y, Zhang Q, Jiang G, et al. Debromination of Decabrominated Diphenyl Ether by Resin-Bound Iron Nanoparticles. *Environmental Science & Technology* 2007; 41: 6841-6846.
- Li H-H, Chang S-C. Bioremediation of decabromodiphenyl ether or benzo(a)pyrene-contaminated rice-paddy soil. *Journal of Soils and Sediments* 2022; 22: 1397-1417.
- Lilienthal H, Hack A, Roth-H 辦 rer A, Grande SW, Talsness CE. Effects of developmental exposure to 2,2',4,4',5-pentabromodiphenyl ether (PBDE-99) on sex steroids, sexual development, and sexually dimorphic behavior in rats. *Environmental Health Perspectives* 2006; 114: 194-201.
- Lohmayer R, Kappler A, Lösekann-Behrens T, Planer-Friedrich B. Sulfur species as redox partners and electron shuttles for ferrihydrite reduction by *Sulfurospirillum deleyianum*. *Applied and Environmental Microbiology* 2014; 80: 3141-3149.
- Long CM, Borden RC. Enhanced reductive dechlorination in columns treated with edible oil emulsion. *Journal of Contaminant Hydrology* 2006; 87: 54-72.
- Luijten ML, de Weert J, Smidt H, Boschker HT, de Vos WM, Schraa G, et al. Description of *Sulfurospirillum halorespirans* sp. nov., an anaerobic, tetrachloroethene-respiring bacterium, and transfer of *Dehalospirillum multivorans* to the genus *Sulfurospirillum* as *Sulfurospirillum multivorans* comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 2003; 53: 787-793.
- Luijten ML, Weelink SA, Godschalk B, Langenhoff AA, van Eekert MH, Schraa G, et al. Anaerobic reduction and oxidation of quinone moieties and the reduction of oxidized metals by halo-respiring and related organisms. *FEMS Microbiology Ecology* 2004; 49: 145-150.



參考文獻

- Lund B, Brocklehurst T, Wyatt G. Characterization of Strains of *Clostridium puniceum* sp. nov., a Pink-pigmented, Pectolytic Bacterium. *Microbiology* 1981; 122: 17-26.
- Luo J-F, Lin W-T, Guo Y. Functional genes based analysis of sulfur-oxidizing bacteria community in sulfide removing bioreactor. *Applied microbiology and biotechnology* 2011; 90: 769-778.
- Mackay D, Hickie B. Mass balance model of source apportionment, transport and fate of PAHs in Lac Saint Louis, Quebec. *Chemosphere* 2000; 41: 681-692.
- Masuzawa T, Saito M, Nakao R, Nikaido Y, Matsumoto M, Ogawa M, et al. Molecular and phenotypic characterization of *Leptospira johnsonii* sp. nov., *Leptospira ellinghausenii* sp. nov. and *Leptospira ryugenii* sp. nov. isolated from soil and water in Japan. *Microbiology and immunology* 2019; 63: 89-99.
- McDonald TA. A perspective on the potential health risks of PBDEs. *Chemosphere* 2002; 46: 745-755.
- McInerney M, Bryant M, Hespell R, Costerton J. *Syntrophomonas wolfei* gen. nov. sp. nov., an anaerobic, syntrophic, fatty acid-oxidizing bacterium. *Applied and environmental microbiology* 1981; 41: 1029-1039.
- McInerney MJ, Bryant MP, Pfennig N. Anaerobic bacterium that degrades fatty acids in syntrophic association with methanogens. *Archives of Microbiology* 1979; 122: 129-135.
- Meckenstock RU, Annweiler E, Michaelis W, Richnow HH, Schink B. Anaerobic naphthalene degradation by a sulfate-reducing enrichment culture. *Applied and Environmental Microbiology* 2000; 66: 2743-2747.
- Men Y, Lee PK, Harding KC, Alvarez-Cohen L. Characterization of four TCE-dechlorinating microbial enrichments grown with different cobalamin stress and methanogenic conditions. *Applied Microbiology and Biotechnology* 2013; 97: 6439-6450.
- Moe WM, Stebbing RE, Rao JU, Bowman KS, Nobre MF, da Costa MS, et al. *Pelosinusdefluvii* sp. nov., isolated from chlorinated solvent-contaminated groundwater, emended description of the genus *Pelosinus* and transfer of *Sporotalea propionica* to *Pelosinuspropionicus* comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 2012; 62: 1369-1376.
- Moeller DW. *Environmental Health*. London, England: Harvard University Press, 2005.
- Mu Y, Yu H-Q, Wang G. Evaluation of three methods for enriching H₂-producing cultures from anaerobic sludge. *Enzyme and Microbial Technology* 2007; 40: 947-953.
- Muhamad MH, Abdullah SRS, Hasan HA, Bakar SNHA, Kurniawan SB. A hybrid treatment system for water contaminated with pentachlorophenol: removal performance and bacterial community composition. *Journal of Water Process Engineering* 2021; 43: 102243.
- Muhorakeye A, Cayetano RD, Kumar AN, Park J, Pandey AK, Kim S-H. Valorization of pretreated waste activated sludge to organic acids and biopolymer. *Chemosphere* 2022; 303: 135078.
- Mulligan CN, Fukue M, Sato Y. *Sediment contamination and sustainable remediation*. London, UK: Taylor & Francis Group. LLC, 2010.
- Nelson MC, Bomar L, Maltz M, Graf J. *Mucinivorans hirudinis* gen. nov., sp. nov., an anaerobic, mucin-degrading bacterium isolated from the digestive tract of the medicinal leech *Hirudo verbana*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2015; 65: 990-995.
- Nyholm JR, Norman A, Norrgren L, Haglund P, Andersson PL. Maternal transfer of brominated flame retardants in zebrafish (*Danio rerio*). *Chemosphere* 2008; 73: 203-208.
- Nylund K, Asplund L, Jansson B, Jonsson P, Litzen K, Sellström U. Analysis of some polyhalogenated organic pollutants in sediment and sewage sludge. *Chemosphere* 1992; 24: 1721-1730.
- O'Driscoll K, Robinson J, Chiang W-S, Chen Y-Y, Kao R-C, Doherty R. The environmental fate of polybrominated diphenyl ethers (PBDEs) in western Taiwan and coastal waters: evaluation with a fugacity-based model. *Environmental Science and Pollution Research* 2016; 23: 13222-13234.
- Oude Elferink SJ, Akkermans-van Vliet W, Bogte JJ, Stams AJ. *Desulfobacca acetoxidans* gen. nov., sp. nov., a novel acetate-degrading sulfate reducer isolated from sulfidogenic granular sludge. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 1999; 49: 345-350.
- Pacyniak E, Hagenbuch B, Klaassen CD, Lehman-McKeeman L, Guo GL. Organic anion transporting polypeptides in the hepatic uptake of PBDE congeners in mice. *Toxicology and Applied Pharmacology* 2011; 257: 23-31.
- Park S, Jung YT, Kim S, Yoon JH. *Arcobacter acticola* sp. nov., isolated from seawater on the East Sea in South Korea. *J Microbiol* 2016; 54: 655-9.
- Peng J-f, Rao J-w, Shen Y-m, Hu J, Liu W-x, Tao S. Preliminary Study on Desorption Procedures of Typical PBDE from Natural Soils. *Journal of Agro-Environment Science* 2009; 28: 1404-1409.
- Peng J-H, Huang C-W, Weng Y-M, Yak H-K. Determination of polybrominated diphenyl ethers (PBDEs) in fish samples from rivers and estuaries in Taiwan. *Chemosphere* 2007; 66: 1990-1997.



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

- Pérez-Rodríguez I, Choi JK, Abuyen K, Tyler M, Ronkowski C, Romero E, et al. *Geothermobacter hydrogenophilus* sp. nov., a mesophilic, iron(III)-reducing bacterium from seafloor/subseafloor environments in the Pacific Ocean, and emended description of the genus *Geothermobacter*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2021; 71.
- Rayne S, Ikononou MG. Polybrominated diphenyl ethers in an advanced wastewater treatment plant. Part 1: Concentrations, patterns, and influence of treatment processes. *Journal of Environmental Engineering & Science* 2005; 4: 353-367.
- Rayne S, Ikononou MG, Whale MD. Anaerobic microbial and photochemical degradation of 4,4'-dibromodiphenyl ether. *Water Research* 2003; 37: 551-560.
- Ricaboni D, Mailhe M, Khelaifia S, Raoult D, Million M. *Romboutsia timonensis*, a new species isolated from human gut. *New microbes and new infections* 2016; 12: 6-7.
- Ritalahti KM, Justicia-Leon SD, Cusick KD, Ramos-Hernandez N, Rubin M, Dornbush J, et al. *Sphaerochaeta globosa* gen. nov., sp. nov. and *Sphaerochaeta pleomorpha* sp. nov., free-living, spherical spirochaetes. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2012; 62: 210-216.
- Robertson LA, Kuenen JG. The genus *Thiobacillus*. *Prokaryotes* 2006; 5: 812-827.
- Robrock KR, Korytár P, Alvarez-Cohen L. Pathways for the anaerobic microbial debromination of polybrominated diphenyl ethers. *Environmental Science & Technology* 2008; 42: 2845-2852.
- Rosselló-Mora RA, Wagner M, Amann R, Schleifer KH. The abundance of *Zoogloea ramigera* in sewage treatment plants. *Appl Environ Microbiol* 1995; 61: 702-7.
- Saha S, Xiong J-Q, Patil SM, Ha G-S, Hoh J-K, Park H-K, et al. Dissemination of sulfonamide resistance genes in digester microbiome during anaerobic digestion of food waste leachate. *Journal of Hazardous Materials* 2023; 452: 131200.
- Saito M, Villanueva SY, Chakraborty A, Miyahara S, Segawa T, Asoh T, et al. Comparative analysis of *Leptospira* strains isolated from environmental soil and water in the Philippines and Japan. *Applied and environmental microbiology* 2013; 79: 601-609.
- Sakai S-i, Watanabe J, Honda Y, Takatsuki H, Aoki I, Futamatsu M, et al. Combustion of brominated flame retardants and behavior of its byproducts. *Chemosphere* 2001; 42: 519-531.
- Schott H, Royce AE. Effect of Inorganic Additives on Solutions of Nonionic Surfactants V: Emulsion Stability. *Journal of Pharmaceutical Sciences* 1983; 72: 1427-1436.
- Schumacher W, Kroneck PM, Pfennig N. Comparative systematic study on "Spirillum" 5175, *Campylobacter* and *Wolinella* species: Description of "Spirillum" 5175 as *Sulfurospirillum deleyianum* gen. nov., spec. nov. *Archives of microbiology* 1992; 158: 287-293.
- Seegers JF, Bui TPN, de Vos WM. Remarkable metabolic versatility of the commensal bacteria *Eubacterium hallii* and *Intestinimonas butyriciproducens*: Potential next-generation therapeutic microbes. *Probiotic Bacteria and Postbiotic Metabolites: Role in Animal and Human Health* 2021: 139-151.
- Sellström U, Kierkegaard A, Wit Cd, Jansson B. Polybrominated diphenyl ethers and hexabromocyclododecane in sediment and fish from a Swedish river. *Environment Toxicology and Chemistry* 1998; 17: 1065-1072.
- Shafiei M, Kazemzadeh Y, Shirazy GM, Riazzi M. Evaluating the role of salts on emulsion properties during water-based enhanced oil recovery: Ion type, concentration, and water content. *Journal of Molecular Liquids* 2022; 364: 120028.
- Shin Y, Kang S-S, Paek J, Jin TE, Song HS, Kim H, et al. *Clostridium kogasensis* sp. nov., a novel member of the genus *Clostridium*, isolated from soil under a corroded gas pipeline. *Anaerobe* 2016; 39: 14-18.
- Shy C-G, Huang H-L, Chao H-R, Chang-Chien G-P. Cord blood levels of thyroid hormones and IGF-1 weakly correlate with breast milk levels of PBDEs in Taiwan. *International Journal of Hygiene and Environmental Health* 2012; 215: 345-351.
- Sikorski J, Lapidus A, Copeland A, Glavina Del Rio T, Nolan M, Lucas S, et al. Complete genome sequence of *Sulfurospirillum deleyianum* type strain (5175 T). *Standards in genomic sciences* 2010; 2: 149-157.
- Song M, Luo C, Li F, Jiang L, Wang Y, Zhang D, et al. Anaerobic degradation of Polychlorinated Biphenyls (PCBs) and Polychlorinated Biphenyls Ethers (PBDEs), and microbial community dynamics of electronic waste-contaminated soil. *Science of the Total Environment* 2015; 502: 426-433.
- Sousa DZ, Smidt H, Alves MM, Stams AJ. *Syntrophomonas zehnderi* sp. nov., an anaerobe that degrades long-chain fatty acids in co-culture with *Methanobacterium formicicum*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2007; 57: 609-615.
- Straub KL, Schink B. Ferrihydrite-dependent growth of *Sulfurospirillum deleyianum* through electron transfer via sulfur cycling. *Applied and environmental microbiology* 2004; 70: 5744-5749.
- Su X-L, Tian Q, Zhang J, Yuan X-Z, Shi X-S, Guo R-B, et al. *Acetobacteroides hydrogenigenes* gen. nov., sp. nov., an anaerobic hydrogen-producing bacterium in the family *Rikenellaceae* isolated from a reed



參考文獻

- swamp. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 2014; 64: 2986-2991.
- Subari F, Kamaruzzaman MA, Abdullah SRS, Hasan HA, Othman AR. Simultaneous removal of ammonium and manganese in slow sand biofilter (SSB) by naturally grown bacteria from lake water and its diverse microbial community. *Journal of environmental chemical engineering* 2018; 6: 6351-6358.
- Suzuki D, Li Z, Cui X, Zhang C, Katayama A. Reclassification of *Desulfobacterium anilini* as *Desulfatiglans anilini* comb. nov. within *Desulfatiglans* gen. nov., and description of a 4-chlorophenol-degrading sulfate-reducing bacterium, *Desulfatiglans parachlorophenolica* sp. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2014; 64: 3081-3086.
- Tapie N, Menach KL, Pasquaud S, Elie P, Devier MH, Budzinski H. PBDE and PCB contamination of eels from the Gironde estuary: From glass eels to silver eels. *Chemosphere* 2011; 83: 175-185.
- Tomita R, Yoshida N, Meng L. Formate: A promising electron donor to enhance trichloroethene-to-ethene dechlorination in *Dehalococcoides*-augmented groundwater ecosystems with minimal bacterial growth. *Chemosphere* 2022; 307: 136080.
- Trevors JT, Cotter CM. Copper toxicity and uptake in microorganisms. *Journal of Industrial Microbiology* 1990; 6: 77-84.
- Ueki A, Watanabe M, Ohtaki Y, Kaku N, Ueki K. Description of *Propionispira arcuata* sp. nov., isolated from a methanogenic reactor of cattle waste, reclassification of *Zymophilus raffinovorans* and *Zymophilus paucivorans* as *Propionispira raffinovorans* comb. nov. and *Propionispira paucivorans* comb. nov. and emended description of the genus *Propionispira*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2014; 64: 3571-3577.
- Unknown. Sediments. 2015. USEPA, Washington D.C., 2015a.
- Unknown. Toxicological Profiles. 2015. Agency for Toxic Substances and Disease Registry, Atlanta, GA, USA, 2015b.
- Unknown. Amplification of Full-Length 16S Gene with Barcoded Primers for Multiplexed SMRTbell Library Preparation and Sequencing procedure Pacific Biosciences of California, Inc., Menlo Park, California, USA, 2022.
- van Beelen P, Fleuren-Kemilä AK. Influence of pH on the toxic effects of zinc, cadmium, and pentachlorophenol on pure cultures of soil microorganisms. *Environmental Toxicology and Chemistry* 1997; 16: 146-153.
- Vonderheide AP. A review of the challenges in the chemical analysis of the polybrominated diphenyl ethers. *Microchemical Journal* 2009; 92: 49-57.
- Wan D, Li Q, Liu Y, Xiao S, Wang H. Simultaneous reduction of perchlorate and nitrate in a combined heterotrophic-sulfur-autotrophic system: Secondary pollution control, pH balance and microbial community analysis. *Water research* 2019; 165: 115004.
- Wang L, Wang L-a, Zhan X, Huang Y, Wang J, Wang X. Response mechanism of microbial community to the environmental stress caused by the different mercury concentration in soils. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 2020; 188: 109906.
- Wang Y, Wu Y, Wu Z, Tam NF-Y. Genotypic responses of bacterial community structure to a mixture of wastewater-borne PAHs and PBDEs in constructed mangrove microcosms. *Journal of Hazardous Materials* 2015; 298: 91-101.
- Wang YF, Wang SL, Chen FA, Chao HA, Tsou TC, Shy CG, et al. Associations of polybrominated diphenyl ethers (PBDEs) in breast milk and dietary habits and demographic factors in Taiwan. *Food and Chemical Toxicology* 2008; 46: 1925-1932.
- Ward J, Mohapatra SP, Mitchell A. An overview of policies for managing polybrominated diphenyl ethers (PBDEs) in the Great Lakes basin. *Environment International* 2008; 34: 1148-1156.
- Weelink SA, Van Doesburg W, Saia FT, Rijpstra WIC, Röling WF, Smidt H, et al. A strictly anaerobic betaproteobacterium *Georgfuchsia toluolica* gen. nov., sp. nov. degrades aromatic compounds with Fe (III), Mn (IV) or nitrate as an electron acceptor. *FEMS microbiology ecology* 2009; 70: 575-585.
- Wiedemeier TH, Rifai HS, Newell CJ, Wilson JT. Natural attenuation of fuels and chlorinated solvents in the subsurface. New York, NY: John Wiley & Sons, Inc., 1999.
- Wolterink A, Kim S, Muusse M, Kim IS, Roholl PJ, van Ginkel CG, et al. *Dechloromonas hortensis* sp. nov. and strain ASK-1, two novel (per) chlorate-reducing bacteria, and taxonomic description of strain GR-1. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2005; 55: 2063-2068.
- Xu G, Zhao S, He J. Underexplored Organohalide-Respiring Bacteria in Sewage Sludge Debrominating Polybrominated Diphenyl Ethers. *Environmental Science & Technology* 2024; 58: 13348-13357.
- Xu M, Chen X, Qiu M, Zeng X, Xu J, Deng D, et al. Bar-coded pyrosequencing reveals the responses of PBDE-degrading microbial communities to electron donor amendments. *PLoS One* 2012; 7: e30439.
- Yamada T, Imachi H, Ohashi A, Harada H, Hanada S, Kamagata Y, et al. *Bellilinea caldifistulae* gen. nov., sp.



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

- nov. and *Longilinea arvoryzae* gen. nov., sp. nov., strictly anaerobic, filamentous bacteria of the phylum Chloroflexi isolated from methanogenic propionate-degrading consortia. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 2007; 57: 2299-2306.
- Yan Y, Rene ER, Ma M, Ma W, Li X, Lun X. Role of sulfate on the potential biodegradation of pentabromodiphenyl ether (BDE-99) in soil columns with reclaimed water and microbial community. *International Biodeterioration & Biodegradation* 2018; 132: 1-9.
- Yang, Bin, Wang C, Zhao X, Liu J, Yin F, et al. Effects of environmental factors on low temperature anaerobic digestion of pig manure. *Environmental Research Communications* 2022; 4: 125006.
- Yang C-W, Huang H-W, Chang B-V. Microbial communities associated with anaerobic degradation of polybrominated diphenyl ethers in river sediment. *Journal of Microbiology, Immunology and Infection* 2017a; 50: 32-39.
- Yang C-W, Lee C-C, Ku H, Chang B-V. Bacterial communities associated with anaerobic debromination of decabromodiphenyl ether from mangrove sediment. *Environmental Science and Pollution Research* 2017b; 24: 5391-5403.
- Yen JH, Liao WC, Chen WC, Wang YS. Interaction of polybrominated diphenyl ethers (PBDEs) with anaerobic mixed bacterial cultures isolated from river sediment. *Journal of Hazardous Materials* 2009; 165: 518-524.
- Zegers BN, Lewis WE, Booij K, Smittenberg RH, Boer W, de Boer J, et al. Levels of Polybrominated Diphenyl Ether Flame Retardants in Sediment Cores from Western Europe. *Environmental Science & Technology* 2003; 37: 3803-3807.
- Zhang C, Liu X, Dong X. *Syntrophomonas erecta* sp. nov., a novel anaerobe that syntrophically degrades short-chain fatty acids. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2005; 55: 799-803.
- Zhang X, Tu B, Dai L-r, Lawson PA, Zheng Z-z, Liu L-Y, et al. *Petroclostridium xylanilyticum* gen. nov., sp. nov., a xylan-degrading bacterium isolated from an oilfield, and reclassification of clostridial cluster III members into four novel genera in a new Hungateclostridiaceae fam. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 2018; 68: 3197-3211.
- Zhao X, Zhang H, Ni Y, Lu X, Zhang X, Su F, et al. Polybrominated diphenyl ethers in sediments of the Daliao River Estuary, China: Levels, distribution and their influencing factors. *Chemosphere* 2011; 82: 1262-1267.
- Zhu X, Zhong Y, Wang H, Li D, Deng Y. New insights into the anaerobic microbial degradation of decabrominated diphenyl ether (BDE-209) in coastal marine sediments. *Environmental Pollution* 2019; 255: 113151.
- 田倩蓉. The Establishment of Survey on the Environmental Distribution of Toxic Chemicals. Environmental Protection Agency, Republic of China, Taipei, 2008.
- 江政傑. 台灣西南海域沉積物中持久性有機化合物含量分布之研究. 海洋環境及工程學系. 碩士. 國立中山大學, 高雄, 2006.
- 林佳燕, 蔡義誌, 林俐玲. 土壤粒徑分析實驗方法之比較. *水土保持學報* 2009; 41: 139-152.
- 林翊嘉. 廢棄家電與電腦處理業勞辜多溴聯苯醚暴露評估研究. 環境醫學研究所. 碩士. 國立成功大學, 台南, 2006.
- 凌永建, 賴萬豪. 工作及居家環境中多溴聯苯醚濃度分佈與曝露量評估. In: 嘉南藥理科技大學, editor. 第五屆環境荷爾蒙健康效應國際學術研討會, 台南, 台灣, 2008.
- 張書奇, 王傳牧. 現地玻璃化轉換裝置、以及玻璃瀝青組合物. *經濟部智慧財產局專利公報* 2021; 48: 6662-6671.
- 張書奇, 李思寬, 葉家瑋, 陳姿文, 李承濤. 適用於整治污染底泥之相反轉型乳化液、及污染底泥之整治方法. In: 經濟部智慧財產局, editor. 專利公報. 國立中興大學, 中華民國, 2019, pp. 2479-2489.
- 張書奇, 陳姿文, 游雨涵, 林耀東. 植物油奈米乳化液在地下水層中傳輸現象探討. 中華民國環境工程學會第 21 屆年會. 中華民國環境工程學會, 雲林科技大學, 雲林, 台灣, 2009, pp. 490.
- 張書奇, 楊謹憶, 王傳牧. 利用重金屬污染土壤重金屬污泥再製之多孔輕質粒料、及其製作方法. In: 經濟部智慧財產局, editor. 經濟部專利公報. 國立中興大學, 中華民國, 2022.
- 張書奇, 詹艾霖, 曾千芸, 蘇亭方, 羅宜萱, 陳姿文. 污染場址現地分解菌群之篩選方法、以及污染物之現地快速分解方法. In: 經濟部智慧財產局, editor. 專利公報. 國立中興大學, 中華民國, 2020, pp. 1415-1421.
- 陳立瑋. 經胎盤暴露 PBDE-47 影響子代成鼠自發行為、學習與記憶 環境與安全衛生工程所. 碩士. 國立高雄第一科技大學, 高雄, 台灣, 2009.



參考文獻

- 陳重羽. 台灣地區主要河川多溴聯苯醚污染分布研究. 環境醫學研究所. 碩士. 國立成功大學, 台南, 2005, pp. 3.
- 彭瑞華. 環境基質中溴化戴奧辛及多溴聯苯醚之高解析度氣相層析質譜分析. 化學系. 碩士. 中原大學, 中壢, 台灣, 2002.
- 黃以倫. 利用現地相反轉乳化與生物降解進行底泥中十溴二苯醚及苯(a)駢芘之污染整治模場試驗. 環境工程學系. 碩士. 國立中興大學, 台灣台中, 2022, pp. 126.
- 廖怡芬, 林呈翰, 周希鈺, 張怡瑋, 李俊福. Aerobic biodegradation of deca-brominated diphenyl ether by novel group bacteria in soil/water systems. 中華民國環境工程學會 2009 土壤與地下水研討會, 雲林科技大學, 雲林, 台灣, 2009, pp. 454.
- 戴侑宗. 奈米零價鐵還原降解十溴聯苯醚之研究. 土壤與環境科學系. 碩士. 國立中興大學, 台中, 2006.
- 環境檢驗所. 臺灣河魚生物濃縮檢測出溴化阻燃劑, 環保署將公告列管. 2024. 環境部環境檢驗所, 2005.



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



附件

附 件



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



附件

附件一本計畫獲得用地許可公文



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



附件

正本

發文方式：紙本郵寄

檔 號：

保存年限：

桃園市政府 函

工 學 院

地址：33001桃園市桃園區成功路一段32號

7樓

承辦人：業務助理 卓亞萱

電話：03-3033688-3842

傳真：03-3033665

電子信箱：80019109@mail.tycg.gov.tw

40227

臺中市南區興大路145號

受文者：國立中興大學

發文日期：中華民國111年8月5日

發文字號：府水河字第1110218354號

類別：普通件

密等及解密條件或保密期限：

附件：如主旨

主旨：檢送貴校申請使用本市大園區竹園段田寮小段1-18地號旁未登錄地南炭溪河川區域使用許可證（桃園河地使證字1110702010號）1紙及檢還申請書1份，請妥慎保存，請查照。

說明：

- 一、依據貴校111年5月24日興工字第1111900380號函辦理。
- 二、本案經查明尚無妨礙堤岸安全構造，茲許可使用自111年11月1日至116年10月31日止；期滿欲繼續使用者，應於期滿前3個月起30日以前以新案申請許可，逾限未申請者，其許可於期限屆滿時失其效力。
- 三、另許可期限屆滿未申請展延而繼續使用者，將依法裁處罰鍰，並命其回復原狀。
- 四、本案許可後，如有占用或影響本府公用設施範圍用地，主管機關因辦理工程或管理計畫之需要得廢止許可，並不予任何補償。
- 五、依河川管理辦法第55條規定，河川區域土地使用人對施設之建造物或其使用範圍應負責維護管理；如造成他人之損害，應負責賠償。
- 六、副本抄送本市大園區公所，請協助巡查，倘若發現違反許可使用規定或有妨礙排洪擅自變更許可使用時，請速報本府。

符合本校「文書處理要點」第18條、33條規定，以紙本公文辦理。

第1頁，共2頁

國立中興大學



1110053054





南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

正本：國立中興大學

副本：桃園市大坵區公所(含附件)

市長鄭文燦

本案依分層負責規定授權局(處)長、主任委員執行



附件

桃園市政府河川區域使用許可書

中華民國111年08月05日 府水河字第1110218354號 桃園河地使證字1110702010號

申請人姓名	國立中興大學		聯絡地址	臺中市南區興大路145號	
河川別	南炭溪	國籍圖號	3	施工面積	公0.0000000公頃 私0.0000000公頃
土地座落	桃園市大園區竹圍段田寮小段1-18地號(旁未登錄地)			使用面積	公0.0050000公頃 私0.0000000公頃
使用類別	河川區域一般案件 使用目的 南炭溪污廢底泥整治模場試驗計畫				

據申請人 國立中興大學 申請使用上開 河川區域 公（私）地經核符合規定准予使用，茲發給許可書為憑，並將應遵守條款列於後：

- 第一條： 許可使用期限自中華民國111年11月01日起至116年10月31日為止。期滿仍欲繼續時，應於期限屆滿前3個月起之30日內，檢齊相關書件向本府申請展期使用。逾期未申請者，其許可於期限屆滿時失其效力，使用地應整復後交還本府。
- 第二條： 本許可書所指之河川區域使用目的為南炭溪污廢底泥整治模場試驗計畫使用，其他非經本府核准不得變更。
- 第三條： 許可使用人應切實依照核准圖說及位置施工，開（竣）工時應將開（竣）工日期報核，如有改建拆除均應事先報由本府核准。
- 第四條： 使用期間，許可使用人對施設之建造物或其使用範圍應負責維護管理；如造成他人之損害，應負責賠償。
- 第五條： 許可使用人施設之起掘路、運輸路及便橋係屬公共設施，凡經申請核准有案之其他使用行為，若願意共同維護均得通行，許可使用人不得阻撓或設卡收費，若無法取得協議時，由本府依河川管理辦法第52條規定進行協調。
- 第六條： 政府機關或其他有關單位如為水利設施整治、管理、公共使用或其他防救緊急應險之要時，需使用本許可書所列河川區域公地時，本府得隨時收回，對許可使用人所設施之建造物及其他損失一概不予補償，許可使用人應於接獲通知後立即無條件交還土地，不得藉任何理由拒絕或拖延。
- 第七條： 如有下列各款事項之一時，得令停止使用或廢止許可：
一、自取得許可之日起，逾六個月未使用。
二、經催繳未在通知期限內繳清使用費者。
三、轉讓他人使用或未依許可使用內容或其範圍使用者。
四、因故意或重大過失管理不當，致他人於其使用範圍，有違反許可使用內容或其範圍使用者。
五、違反水利法或主管機關依水利法所發命令者。
- 第八條： 施工時不得於河川區域內有盜採砂石及設置工案等違反水利法及河川管理辦法之行為，並做好必要之施工安全告示，如因本案工程設施造成之災害，一切損失由申請人負責。
- 第九條： 水庫管理機關（構）依規定疏浚、疏濬水、流失、或毀損，不得向水庫管理機關（構）及相關單位請求賠償。
- 第十條： 除應依上項規定履行外，其他未規定事項，應依水利法及河川管理辦法暨有關法令之規定辦理。

已繳保證金50,000元(聯單編號:13879410925537)

上給申請人：國立中興大學

市長 鄭文燦



附件

● ● :

儲存年限：

桃園市政府水務局 會勘通知單

受文者：國立中興大學

發文日期：中華民國111年6月17日

發文字號：雄水河字第1110047254號

類別：普通件

索算及解索條件或保證期限：

附件：

會勘事由：南崙溪河川區域一般案件使用申請

會勘時間：中華民國111年7月1日（星期五）上午11時

會勘地點：申請位置

主持人：本局河岸地工程管理科

聯絡人及電話：卓亞營03-3033688-3842

出席者：國立中興大學(環境工程學系張書奇副教授)

列席者：

備註：

一、依據貴校111年5月24日興工字第1111900380號函辦理。

二、請補正下列事項於申請書內：

11/04/17
15:11:23

(一)實測地形圖缺漏標示河川區域線及河道治理計畫線，並請補充面積計算式於實測地形圖。

(二)本業施作期程於汛期，請補充防汛計畫。

376T36000G 111004T254.di

第1頁，共1頁

國立中興大學



11001315 00106-07



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



附件

附件二 發明專利及 SCI 期刊



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



附件



中華民國專利證書

發明第 I 769019 號

發明名稱：利用重金屬污染土壤再製之多孔輕質粒料、及其製作方法

專利權人：國立中興大學

發明人：張書奇、楊謹憶、王傳牧

專利權期間：自 2022 年 6 月 21 日至 2041 年 7 月 20 日止

上開發明業經專利權人依專利法之規定取得專利權

經濟部智慧財產局 局長

洪淑敏

中華民國 111 年 6 月 21 日



注意：專利權人未依法繳納年費者，其專利權自原繳費期限屆滿後消滅。



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)



中華民國專利證書

發明第 I718759 號

發明名稱：現地玻璃化轉換裝置、以及玻璃瀝青組合物

專利權人：國立中興大學

發明人：張書奇、王傳牧

專利權期間：自2021年2月11日至2039年11月13日止

上開發明業經專利權人依專利法之規定取得專利權

經濟部智慧財產局局長

洪淑敏

中華民國 110 年 2 月 11 日



注意：專利權人未依法繳納年費者，其專利權自原繳費期限屆滿後消滅。



附件



中華民國專利證書

發明第 I 684575 號

發明名稱：污染場址現地分解菌群之篩選方法、以及污染物之現地快速分解方法

專利權人：國立中興大學

發明人：張書奇、詹艾霖、曾千芸、蘇亭方、羅宜萱、陳姿文

專利權期間：自 2020 年 2 月 11 日至 2038 年 11 月 14 日止

上開發明業經專利權人依專利法之規定取得專利權

經濟部智慧財產局 局長

洪淑敏

中華民國 109 年 2 月 11 日



注意：專利權人未依法繳納年費者，其專利權自原繳費期限屆滿後消滅。



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)



中華民國專利證書

發明第 I 658008 號

發明名稱：適用於整治污染底泥之相反轉型乳化液、及污染底泥之整治方法

專利權人：國立中興大學

發明人：張書奇、李思寬、葉家瑋、陳姿文、李承濤

專利權期間：自2019年5月1日至2037年11月16日止

上開發明業經專利權人依專利法之規定取得專利權

經濟部智慧財產局 局長

洪淑敏

中華民國 108 年 5 月 1 日



注意：專利權人未依法繳納年費者，其專利權自原繳費期限屆滿後消滅。



Research article

Microbiome reengineering by four environmental factors for the rapid biodegradation of trichloroethylene

Yu-Hsuan Cheng^a, Shu-Chi Chang^{a,*}, Yan-Lin Lai^b, Chung-Chi Hu^b^a Department of Environmental Engineering, National Chung Hsing University, No. 145, Xingda Road, Taichung, 40227, Taiwan^b Graduate Institute of Biotechnology, National Chung Hsing University, No. 145, Xingda Road, Taichung, 40227, Taiwan

ARTICLE INFO

Keywords:
Microbiome reengineering
Trichloroethylene
Rapid biodegradation
Temperature
Salinity

ABSTRACT

Trichloroethylene (TCE) was once a widely applied industrial solvent, but is now an infamous contaminant in groundwater. Although anaerobic reductive dechlorination is considered a greener remediation approach, the accumulation of toxic intermediates, such as vinyl chloride (VC), and a longer remediation period are highly concerning. Biostimulation and bioaugmentation have been developed to solve these problems. The former method may not be effective, and the latter may introduce foreign genes. Here, we propose a new approach by applying environmental stresses to reshape the indigenous microbiome. In this study, by using the Taguchi method, the effects of heating, pH, salinity, and desiccation were systematically examined. The optimum conditions were defined as 50 °C, pH 9, 3.50% salinity (w/v), and 21% volumetric water content (θ_w). The top performing group, G7, can complete the conversion of 11.81 mg/L TCE into ethene in 3.0 days with a 1.23% abundance of *Dehalococcoides mccartyi* 195 (*Dhc* 195). Redundancy analysis confirmed that temperature and salinity were the predominant factors in reorganizing the microbiomes. The microbiome structure and its effectiveness can last for at least 90 d. The repetitive selection conditions and sustainable degradation capability strongly supported that microbiome reengineering is feasible for the rapid bioremediation of TCE-contaminated environmental matrices.

1. Introduction

Since the mid-twentieth century, chlorinated solvents have been widely applied in industry because they are nonflammable and have a high degreasing power. However, improper handling and disposal of these solvents resulted in the contamination of soil and groundwater. The high specific gravity, low water solubility, and low biodegradability of these solvents often result in persistent contaminations. Among all solvents, trichloroethylene (TCE), a confirmed human carcinogen, probably causes the most problematic contamination and accounts for the largest share in terms of the number of contaminated sites (IARC, 2014; Stroo et al., 2003). At most sites, TCE concentrations are less than 10 mg/L, and thus, physicochemical remediation could be too costly. In addition, the promotion of sustainable remediation and net zero emissions by 2050 (Bouckaert et al., 2021) may also favor the application of bioremediation, especially anaerobic reductive dehalogenation (RD), with less global warming impact (Lemming et al., 2010). However, RD entails two typical problems—a long remediation time and the accumulation of more toxic intermediates, including vinyl chloride (VC).

To accelerate the speed of bioremediation, biostimulation (BS) and bioaugmentation (BA) have been developed. The former process involves adjusting the environmental variables or introducing enhancing reagents to accelerate the biodegradation of the target compounds (Kumar et al., 2018). If the functional organohalide-respiring bacteria (OHRB) are not available, BA is preferred because a microbial consortium or a group of genes that encode known TCE-degrading enzymes is introduced. However, some researchers have raised concerns about accelerated microbial evolution and horizontal gene transfer (Atashgahi et al., 2018; Lyon and Vogel, 2013). Recently, we invented microbiome reengineering (MR) to circumvent this disadvantage, i.e., modifying the indigenous microbial community instead of introducing foreign species or genes (Chan et al., 2021). This is a subtractive instead of an additive approach. That is, instead of introducing effective foreign bacteria, we tried to reshape the indigenous microbiome to achieve better reductive dechlorination by applying a short-term environmental stress, such as temperature, pH, salinity, and water content. Please see Fig. S1 for the comparison of biostimulation, bioaugmentation, and MR. Theoretically, right after MR treatment, the number of species could be less. However,

* Corresponding author. Department of Environmental Engineering, National Chung Hsing University, Room 513, 145 Xingda Road, Taichung, 40227, Taiwan.
E-mail address: shuchichang@nchu.edu.tw (S.-C. Chang).

<https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2022.116658>

Received 4 June 2022; Received in revised form 21 October 2022; Accepted 27 October 2022

Available online 15 November 2022

0301-4797/© 2022 Elsevier Ltd. All rights reserved.



Journal of Soils and Sediments (2022) 22:1397–1417
<https://doi.org/10.1007/s11368-022-03164-5>

SOILS, SEC 1 • SOIL ORGANIC MATTER DYNAMICS AND NUTRIENT CYCLING •
 RESEARCH ARTICLE



Bioremediation of decabromodiphenyl ether or benzo(a)pyrene-contaminated rice-paddy soil

Han-Hsin Li¹ · Shu-Chi Chang¹

Received: 10 July 2021 / Accepted: 6 February 2022 / Published online: 6 March 2022
 © The Author(s), under exclusive licence to Springer-Verlag GmbH Germany, part of Springer Nature 2022

Abstract

Purpose Polybrominated diphenyl ethers (PBDEs) and polycyclic aromatic hydrocarbons are common contaminants in soils. In PBDEs, decabromodiphenyl ether (BDE-209) is the most persistent, while benzo(a)pyrene (BaP) is an identified human carcinogen. This study is aimed to solve the contamination of BDE-209 and BaP in soils by adjusting environmental variables and amendments of microorganisms or nutrients.

Methods A batch test and a sandbox test were performed. In the batch test on an artificial soil, the Taguchi method was applied to define optimum environmental factors. The sandbox test was conducted to verify if addition of soybean soil nanoemulsion (SONE) or acclimated microorganisms can assist the bioremediation of BDE-209 and BaP in rice-paddy soil under optimum volumetric water content (θ_v). Next-generation sequencing (NGS) was performed to observe the microbial profile, correlation, and interaction.

Results The batch test revealed that the θ_v is the predominant factor for both contaminants. In the sandbox test, bioaugmentation with SONE-amended group achieved 55% and 74% removals in 70 days for fresh BDE-209 and BaP, respectively. Yet for weathered BDE-209, natural attenuation group was the best with about 75% removal in 70 days. NGS data showed that a few dominant genera formed a strong alliance against a large group of others.

Conclusions The results suggest that the θ_v is the key parameter and proper amendment of soil organic matter, and SONE can enhance the bioremediation. The results implied that natural attenuation with water flooding could be effective for the soils historically contaminated by BDE-209.

Keywords Bioremediation · Soil · Emulsion · BDE-209 · Benzo(a)pyrene

1 Introduction

BDE-209 is an important flame retardant in many commercial products, including plastics, textiles, electronic circuit boards, furniture, and computers (Rahman et al. 2001). Due to the extensive use of BDE-209 in industrial applications and its long half-life, it is often detected in the atmosphere, water, sediment, and soil (Li et al. 2012). Now, PBDEs have been officially included in the list of emerging contaminants

by the US Environmental Protection Agency (US Environmental Protection Agency 2017). In 2019, BDE-209 was classified as category 1 and category 2 toxic chemical substances by the Taiwan Environmental Protection Administration (TWEPA) due to its persistency in the environments and probable chronic effects to human health (TWEPA 2019). Although the toxicity of BDE-209 is not extremely high with a LD_{50} at 2–5 g/kg body weight (Moeller 2011), it has been regarded as a teratogen, endocrine disrupter (thyroid and gonadal), carcinogen, and neural toxicant with high bioaccumulation tendency (McDonald 2002). In addition, its high persistence in the environment and long-range transfer in global air raised high concerns internationally (Li et al. 2017). Polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) are composed of aromatics that do not contain heterocycles or substituents. They are mainly produced by the incomplete combustion of carbon-containing fuels such as wood, gas,

Responsible editor: Xilong Wang

✉ Shu-Chi Chang
shuchichang@nchu.edu.tw

¹ Department of Environmental Engineering, National Chung Hsing University, Room 513, No. 145, Xingda Road, Taichung 40227, Taiwan

Springer



Microbiome Reengineering by Heat Selection for Rapid Biodegradation of Trichloroethylene with Minimal Vinyl Chloride Formation

AI-Lin Chan · Chien-Yun Tseng · Tzu-Wen Chen ·
 Yi-Hsuan Lo · Shu-Chi Chang

Received: 18 August 2020 / Accepted: 27 January 2021
 © The Author(s), under exclusive licence to Springer Nature Switzerland AG 2021

Abstract Trichloroethylene (TCE) was a widely used industrial solvent but is now regarded as a notorious groundwater contaminant. Both physicochemical and biological methods have been applied to remediate groundwater contaminated by TCE. For medium to low level of TCE contamination, bioremediation could be more cost-effective. However, bioremediation approaches suffer from slow degradation rates and accumulation of vinyl chloride (VC). In addition, bioaugmentation is often highly encouraged but may introduce foreign genes and increase the pace of microbial evolution. In this study, a microbiome reengineering strategy by heat selection is applied to solve these problems. Out of eight heat-treated mixed cultures, two showed a much-improved TCE degradation rate, more than 70 times higher than the untreated. The biodegradation half-life ($t_{1/2}$) of TCE was 0.0627 d or shorter. No VC

was detected by a gas chromatography equipped with flame ionization detector (GC-FID) and only a minimal amount by a GC-mass spectrometer (GC-MS). Ethene achieved a fairly good mass balance. Polymerase chain reaction-denaturing gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE) and next-generation sequencing (NGS) results showed that the heating process did not kill most bacteria, but *Dehalococcoides* were either not present or very scarce. *Acetoanaerobium* and *Methanosarcina* could be the most important species in this reductive dechlorination process. Kinetic study results showed that the maximum specific TCE degradation rate was approximately 1.271 nmole/min/mg cell protein, which are two orders of magnitude higher than that of the mixed cultures reported in literature. These results suggest that apart from biostimulation and bioaugmentation, microbiome reengineering could be a promising approach for rapid bioremediation of TCE-contaminated aquifers.

Research Highlights

- The selected culture degraded TCE with a half-life as short as 0.063 d or 1.5 h.
- The maximum specific TCE degradation rate is approximately 1.271 nmole/min/mg cell protein.
- The predominant microbes are either archaea or endospore-forming *Clostridia*.
- Heat treatment did not kill most microorganisms but reengineered the microbiome.

A.-L. Chan · C.-Y. Tseng · T.-W. Chen · Y.-H. Lo ·
 S.-C. Chang
 Department of Environmental Engineering, National Chung Hsing University, No. 145, Xingda Road, Taichung 40227, Taiwan
 e-mail: shuchichang@nchu.edu.tw

Keywords Microbiome reengineering ·
 Trichloroethylene · Heat selection · Rapid
 biodegradation · Reductive dechlorination

1 Introduction

In the past, TCE was a common solvent widely used in industries because of its strong degreasing capability, low corrosiveness, and inflammability. However, since the 1980s, it has been regarded as a recalcitrant



Author's personal copy

Journal of Soils and Sediments
<https://doi.org/10.1007/s11368-020-02789-8>

SOILS, SEC 5 • SOIL AND LANDSCAPE ECOLOGY • RESEARCH ARTICLE



Emulsion-enhanced remediation of lindane and DDT in soils

Shu-Chi Chang¹ • Mei-Hsuan Wu¹ • Tzu-Wen Chen¹

Received: 6 June 2020 / Accepted: 24 September 2020
 © Springer-Verlag GmbH Germany, part of Springer Nature 2020

Abstract

Purpose The agricultural lands in most Asian countries have been contaminated by pesticides for decades, especially γ -hexachlorocyclohexane (lindane) and dichlorodiphenyltrichloroethane (DDT). For most sites, the concentrations are in the parts per million level favoring bioremediation. However, due to high hydrophobicity, they are hard to be biodegraded in soils. In situ phase inversion emulsification and biological reductive dechlorination (ISPIE/BiRD) is proposed as an effective approach for the removal of lindane and DDT in soil.

Materials and methods Three tests were conducted, i.e., a batch test, a column test, and a sandbox test. In the batch test, the Taguchi method was applied to define optimum environmental parameters, such as pH, water content, emulsion concentration, and soil organic matter level. A column test was performed using a real agricultural soil to define the removal efficiency of a single operation of ISPIE on lindane and DDT. A sandbox was employed to test if the remaining emulsion can assist in the biodegradation of lindane and DDT in a real agricultural soil. Next-generation sequencing (NGS) was performed to profile the microbial community for the best groups in the batch test and the sandbox test.

Results and discussion The batch test results showed that water content and emulsion concentration are critical controlling factors, and the removal of lindane and DDT was 99.7% and 88.9%, respectively. A single operation of ISPIE removed 52.9% and 31.5% of DDT and lindane, respectively, and the difference is probably due to the log K_{OW} . The best parameter combination was employed in the sandbox test and the best removal rates of DDT and lindane on the 28th day were $78.0 \pm 1.2\%$ and $99.7 \pm 0.5\%$, respectively. NGS data results showed that agriculture soil has more abundant and diverse microorganisms than the acclimated sediment culture. NGS analysis showed two cohesive groups were competing against each other in the batch test and complex interactions existed in the sandbox test.

Conclusions These results suggest that ISPIE/BiRD is a highly viable remediation option for rice paddy farming lands contaminated by highly hydrophobic contaminants. ISPIE followed by BiRD can be finished in a 42-day period and is highly suitable for implementation during an annual break of paddy field farming. Some potential strong degraders and complex interactions require more research in the future.

Keywords Remediation • In situ • Lindane • DDT • Soil

1 Introduction

Soils are important for organismal growth, water storage, and atmospheric balance. Since the 1930s, pesticides and herbicides have been applied in large scales for better crop harvest. Among them, organochlorine pesticides (OCPs) are the most common ones because they are not only effective pesticides but also popular insecticides to eliminate mosquito-borne diseases, like malaria (Boul 1995; Foght et al. 2001). These OCPs can be bioaccumulated and biomagnified through trophic levels, and consequently, human health and the environment can be seriously impacted (Kale et al. 1999; Pumomo et al. 2011). Among those OCPs, dichlorodiphenyltrichloroethane (DDT) and γ -hexachlorocyclohexane (lindane)

Responsible editor: Claudio Bini

Electronic supplementary material The online version of this article (<https://doi.org/10.1007/s11368-020-02789-8>) contains supplementary material, which is available to authorized users.

✉ Shu-Chi Chang
shuchichang@nchu.edu.tw

¹ Department of Environmental Engineering, National Chung Hsing University, Room 513, No. 145, Xingda Road, Taichung 40227, Taiwan

Published online: 06 October 2020

Springer



Efficient remediation of river sediments contaminated by polychlorinated biphenyls and hexachlorobenzene by coupling *in situ* phase-inversion emulsification and biological reductive dechlorination

Shu-Chi Chang^{a,*}, Chia-Wei Yeh^a, Szu-Kuang Lee^a, Tzu-Wen Chen^a, Li-Chu Tsai^b

^aDepartment of Environmental Engineering, National Chung Hsing University, No. 145, Xindia Road, Taichung, 40227, Taiwan

^bDepartment of Environmental Engineering and Science, Chia Nan University of Pharmacy & Science, No. 80, Sec. 1, Eren Rd., Renshi Dist., Taiwan, 71710, Taiwan

ARTICLE INFO

Keywords:

Sediment remediation
Polychlorinated biphenyls
Hexachlorobenzene
In situ phase inversion emulsification
Reductive dechlorination

ABSTRACT

Sediment contamination in Taiwan is a critical environmental problem because it threatens human health through food chains and the local ecosystem as well. Er-Ren River (ERR) in southern Taiwan is one of the most polluted and its sediments have been severely contaminated by hydrophobic organic compounds (HOCs). Among all HOCs, polychlorinated biphenyls (PCBs) have been detected at high levels while hexachlorobenzene (HCB) has been most frequently detected. Due to their higher K_{ow} values and lower biodegradability, they can be biomagnified through trophic levels and consequently pose high risks to humans and the ecosystem. This field study is to demonstrate an effective remediation technology on sediments contaminated by Aroclor 1254 and HCB by coupling *in situ* phase-inversion emulsification and biological reductive dechlorination (ISPE/BRD). By using real contaminated sediment with weathered and freshly-added contaminants, a single ISPE operation can remove about 62% and 60% of weathered Aroclor 1254 and HCB, respectively. For weathered HCB and Aroclor 1254, the total removal could reach as high as 98% in 70 days. Metagenomic results showed that host selection during ISPE significantly changed the diversity and species evenness of the microbial community and that the Dehalococcoides were not positively correlated with the PCB removals. Instead, heat-tolerant archaea, *Methanosoma* spp., may play much more important roles in the subsequent biological dechlorination. These results strongly support that ISPE/BRD is highly feasible on a full-scale field remediation and that this new microbial consortium could be a highly effective tool for bioremediation of HOC-contaminated sediments.

1. Introduction

River sediments provide versatile and critical services in a river's ecosystem. Contamination by HOCs can result in profound and serious consequences in the environment and human health. In the past few decades, river sediments in Taiwan have been severely contaminated by HOCs (Chang et al., 2014). For pristine sediments, HOCs in polluted river water can enter the sediment and accumulate there. Thus, they can concentrate in organismal fat tissues through food chains. Due to their high hydrophobicity, they are less bioavailable and can be quite persistent in sediments (Mulligan et al., 2010). Therefore, after sediment is polluted by HOCs, it becomes hard to clean up especially those heavily contaminated by weathered HOCs.

According to a report by Lijzen et al. (2001), chlorinated benzyl compounds in sediment may exhibit higher ecological and human health risk. Among them, polychlorinated biphenyls (PCBs) and

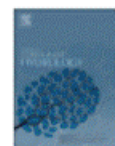
chlorobenzenes (HCB) in sediments pose a higher risk to human health and the environment than those in soils (Lijzen et al., 2001). HCB has been used as precursors for the production of pesticides and herbicides, and also as raw materials or intermediates of various chemical production processes, like drugs, perfumes, and pigments (Adrian and Görsch, 2002; Chen et al., 2010). It was used as a fungicide to treat the seeds of onions, sorghum, wheat and other grains. Even though it had been banned globally under the Stockholm Convention, it is still produced as a by-product of certain activities like the manufacture of other chemicals (mainly solvents) and pesticides (Agency for Toxic Substances and Disease Registry, 2015). PCBs were mainly used in electric transformers as an insulating and cooling agent, in carbonless paper and heat conducting liquids in industries. It has been found to be highly toxic in terms of reproduction, neurotoxicity, endocrine disruption, and carcinogenesis (Wood et al., 2016). It has been classified as a Group 1 chemical, i.e., human carcinogen (International Agency for

* Corresponding author. Room 513, Department of Environmental Engineering, 145 Xindia Road, Taichung, 40227, Taiwan.
E-mail address: shuchichang@nchu.edu.tw (S.-C. Chang).

<https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2019.02.007>

Received 9 November 2018; Received in revised form 22 February 2019; Accepted 26 February 2019

0964-8305/ © 2019 Published by Elsevier Ltd.



Effective removal of Aroclor 1254 and hexachlorobenzene in river sediments by coupling in situ phase-inversion emulsification with biological reductive dechlorination



Shu-Chi Chang^{*}, Szu-Kuang Lee, Tzu-Wen Chen

Department of Environmental Engineering, National Chang Jung University, No. 145, Xingda Road, Taichung 40227, Taiwan

ARTICLE INFO

Keywords:

Sediment remediation
Persistent organic pollutants
Polychlorinated biphenyl
Hexachlorobenzene
Phase inversion emulsification
Biological dechlorination

ABSTRACT

River sediment contamination is a critical environmental problem. Concentrations of certain hydrophobic organic compounds (HOCs) in sediments in Taiwan are ranked at the top in the world. In this study, we proposed a novel *in situ* phase-inversion emulsification and biological reductive dechlorination (ISPE/BRD) method that integrates (1) heating contaminated sediments by hot water-in-oil emulsion to increase the contact between hydrophobic organic contaminants (HOCs), to accelerate the mass transfer between two phases, and to select heat-tolerant hydrogen-producing bacteria, (2) ISPE forming oil-in-water emulsion to enhance recovery of HOCs by pushing cool water and nutrient buffer through the sediment column, and (3) subsequent BRD using residual emulsion in sediment. Aroclor 1254 and hexachlorobenzene (HCB) were selected due to significantly higher human health and ecological risks in sediments. Batch biological dechlorination tests were conducted using an L₄(3⁴) orthogonal table according to the Taguchi method. The results showed that significant controlling factors for biological dechlorination were temperature and emulsion concentration. A single operation of ISPE can achieve the removal of Aroclor 1254 and HCB at as high as 58.2% and 56.5%, respectively. Column study on BRD further removed about 30% of the residual Aroclor 1254 and HCB at the upper and middle sections of the sediment cores in 35 days. These results supported that ISPE/BRD is feasible for HOC-contaminated sediments remediation.

1. Introduction

River sediments provide versatile services in the river ecosystem, such as self-purification of river water, habitats for planktons, benthic, and epibenthic organisms, and ideal spawning sites for fishes. Sediment can act as a sink or a source of HOCs in a river (Canadian Council of Ministers of the Environment, 2001). For pristine sediments, HOCs in river water can enter the sediment and accumulate. When HOCs reach a certain concentration in sediment, it can turn into a source to release HOCs back into the river water. These HOCs can also accumulate in organismal tissues, especially fat tissues, and could be biomagnified through trophic levels. Ultimately, the health risk for human increased because human is one of the top-level consumers.

According to the report by Lijzen et al. (2001), most pollutants in soil are more harmful than those in sediment, such as heavy metals, aromatic compounds, and chlorophenols. However, chlorinated benzyl compounds exhibit higher ecological and human health risk in sediment than in soil. Among them, polychlorinated biphenyls and

chlorobenzenes exhibit significantly higher risk in sediments (Lijzen et al., 2001). Thus, in this study, HCB and Aroclor 1254 were chosen to test the feasibility of this new remedial technology, ISPE/BRD.

Currently, there are various approaches for sediment remediation and can be categorized into three major groups, physical, chemical, and biological. For physical methods, there are dredging, solidification, landfill, incineration, thermal extraction, land farming, underwater landfill, and containment. Chemical methods include electro-kinetic remediation, chemical oxidation, acid washing, and active capping. Biological methods may involve composting, bioleaching, bio-transformation, phytoremediation, natural recovery, etc. (Chowdhury et al., 1996; Adriaens et al., 2006; Mulligan et al., 2010). Among them, dredging, capping, and natural recovery seem to be the most widely applied methods for sediment remediation (Adriaens et al., 2006; Forstner and Apte, 2007; Beckingham and Ghosh, 2011). However, all these methods will face huge challenges in Taiwan due to the high hydraulic gradient and frequent flooding in typhoon seasons. Thus, to meet the objective of finishing a remediation project within a dry

^{*} Corresponding author at: Room 513, Department of Environmental Engineering, 145 Xingda Road, Taichung 40227, Taiwan.
E-mail address: shuchichang@nchu.edu.tw (S.-C. Chang).

<https://doi.org/10.1016/j.jconhyd.2019.02.005>

Received 2 April 2018; Received in revised form 24 December 2018; Accepted 4 February 2019

Available online 05 February 2019

0169-7722/ © 2019 Published by Elsevier B.V.



附件

附件三 南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫復舊作業程序



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)



附件

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫 復舊作業程序

中華民國九十九年十一月二十六日制定
中華民國一〇四年八月二十七日修訂
中華民國一〇四年十一月十三日修訂
中華民國一一三年五月十七日修訂

版別C003-04

- 一、南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫（以下簡稱本計畫）之復舊計畫依據經濟部水利署（99.07.22）第六河川局水六管字第 09902009610 號函制定。
- 二、本復舊計畫所涉及之範圍為本計畫位於南崁溪中之現地模場設施之所在場址。
- 四、計畫完成時之最後一次底泥檢測應確認試驗作為並未造成二次污染，若有二次污染之虞者，應立即清除。
- 五、本計畫於現地試驗期間若有因汛期、颱風、豪雨、洪水、地震等天然不可抗力因素或是其他人為工程或不明之人為破壞導致現場之地表地貌及邊坡等顯著改變時，應立即攝影（並要時應進行測量工作），匯集成冊後，由計畫主持人張書奇簽章後留存，作為未來復舊工作之基礎依據。
- 六、本計畫於試驗工作完成後，應以最後攝影及圖面為準，進行復舊工作。
- 七、復舊工作以恢復上述依據之地表地貌及邊坡為原則，除必須移除現地所有之試驗設施外，若造成邊坡植被不全，應恢復綠化情況，若有刮除邊坡之情況應以與現地土壤性質近似之乾淨砂土或砂壤土先行填回復原後，再進行綠化。
- 八、本復舊計畫經計畫參與人員共同商議制定，修訂時亦同。



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)



附件

附件四 南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫之品保品管作業程序



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫之品保品管作業程序

本研究依據環境檢驗品質管制指引通則（NIEA-PA101）進行底泥採樣作業品保品管及污染物內部分析品保品管，且確保樣品取樣、分析流程之精密度及準確度。

一、採樣作業品保品管

本試驗之採集樣品保存作業，以環境樣品採集及保存作業指引（NIEA-PA102）為基礎進行建立，於採集底泥樣品同時，進行製作現場空白樣品、運送空白樣品、設備空白樣品之採集動作，詳細說明如下：

- (1) 現場空白樣品（Field blank sample）：以酸洗過後之石英砂作為無待測物之空白底泥樣品，裝於採樣用之棕色玻璃瓶中並蓋緊密封，攜至採樣現場，在現場開封並模擬採樣過程，但未實際進行採樣，並加以密封；與待測樣品一同攜回實驗室進行分析。
- (2) 運送空白樣品（Trip blank sample）：以酸洗過後之石英砂作為空白之底泥樣品，裝於採樣用之棕色玻璃瓶中並蓋緊密封，攜至採樣現場，但在現場並不開封，直接與待測樣品一同攜回實驗室進行分析。
- (3) 設備空白樣品（Equipment blank sample）：將現場使用過後之採樣設備及器皿，先行去除殘留於設備上之底泥，並以不含待測物之溶劑（丙酮與甲醇）個別進行淋洗取樣設備，清洗後以去離子水淋洗設備三次，並收集最終淋洗之去離子水溶液做為設備空白樣品。而底泥取樣方式乃參照底泥採樣方法（NIEA S104.32B）其採樣器具於使用前以丙酮及甲醇進行潤洗，最後以去離子水洗淨並自然風乾；依據建議最少樣品量進行採集，以玻璃材質器皿盛裝底泥，於 $4\pm 2^{\circ}\text{C}$ 暗處下，進行保存、運送樣品；並於污染物指定保存期限內（採樣後 14 天內進行萃取、40 天內完成萃取至分析部分）完成污染物分析。

二、內部分析品保品管：攜回實驗室之樣品，本試驗以丙酮與正己烷進行高壓溶劑萃取-快速萃取儀（Speed Extractor E-916, BUCHI）萃取，經由濃縮後依據多 NIEA 方法進行干擾物之淨化流程（濃硫酸、銅粉及酸性矽膠管柱）進行淨化。此外，依據環境檢驗檢量線製備及查核指引（NIEA-PA103）進行污染物之檢量線建立；並以標準樣品做為標準品，依環境檢驗品管分析執行指引（NIEA-PA104）進行分析方法之方法空白樣品分析、重複樣品分析、查核樣品分析及添加樣品分析，詳如下述說明：



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

- (1) 檢量線建立：本研究針對污染物進行檢測，其檢量線以直線模式通過原點校正，線性關係之檢量線。
- (2) 方法空白樣品分析(Method blank sample)：現地底泥樣品，執行一個空白分析；用以監測分析流程有無遭受污染，與分析樣品一同進行萃取、分析；於本實驗中僅添加回收標準品，測試樣品是否有遭受污染。
- (3) 重複樣品分析(Duplicate analysis)：現地底泥樣品每 20 個樣品，進行一次重複分析；選取一個樣品進行重複樣品萃取、分析，測定相對差異百分比。
- (4) 查核樣品分析(Quality check sample)：現地底泥樣品每 10 個樣品，執行一個查核分析，僅添加已知濃度之污染物及回收標準品，測定於萃取及分析中查核濃度是否與待測物濃度相當。
- (5) 添加樣品分析(Spike sample)：現地底泥樣品每 10 個樣品，執行一個添加樣品分析，為添加原樣品中待測濃度之 1-5 倍，由於為未知樣品，因此以背景值之 1-5 倍作為添加濃度，一同進行萃取。



附件

附件五 ISPIE/BiRD 技術之標準作業程序



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)



永續生物科技實驗室 ISPIE/BiRD 標準作業程序

編號	M003	版別	A	發行日期	2021/8/4
撰稿人	羅宜萱			核定人	張書奇

一、目的：建立統一 ISPIE/BiRD 標準作業程，以確定實驗室所有研究人員能確實操作 ISPIE/BiRD 時，能夠確實達到整治效果，並確保研究人員之安全衛生權益，並且確保核心技術與資料傳承之完整性。

二、範圍：本實驗室所有博士後研究員、約聘僱研究助理、博士班研究生、碩士班研究生(含碩專班及試用之新進碩士班研究生)、大學部專題生及一般生。

三、定義：

1. 研究人員：研究人員為本實驗室之相關進行研究之人員，含以上範圍所規定之人員，新進碩士班研究生為入學年度之新生在進入本實驗室之前 30 天內適用，大學部專題生為接受張書奇老師指導之參與國科會或是中興大學專題研究計畫之大學部同學，一般生為尚未參與國科會專題研究計畫之大學部同學但經張書奇老師同意見習者。
2. ISPIE/BiRD 係指 *in situ* phase inversion emulsification and biological reductive degradation.

三、技術適用時機：

1. log K_{ow} 值應介於 3.7-10.0 之間，水中溶解度低於 10.0 mg/L（或是 10,000 $\mu\text{g/L}$ ）且屬於在自然條件下難以降解之污染物。
2. 現地底泥均溫在 20°C 以上，30°C 左右尤佳。
3. 水文天候條件則是應避開洪汎期間。
4. 底泥黏粒成分宜在 15% 以下。

四、設備需求：

1. 加熱設施：可以快速爐或其他快速加熱設備進行加熱者均可。
2. 高速攪拌機：至少 500 RPM 以上，容積至少 30 公升。
3. 隔膜加壓幫浦
4. 保溫毯或其他保溫設備
5. 廢液桶（回收高污染濃度廢液）
6. 採樣用玻璃管柱
7. 矽膠塞
8. 模場試驗用 PVC 管柱
9. 模場試驗用外套管

五、實施方式



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

1. 相反轉乳化液配製

1.1. 三種不同相反轉溫度乳化液，分別為高溫（90 °C）、中溫（60-70 °C）及低溫（30-40 °C），皆由植物油、水、界面活性劑所組成。高溫乳化液配置方法為：將油與界面活性劑以 10 : 1 的比例混和，其中界面活性劑是由 Tween 20、Tween 80、Span 80 以 34.7 : 42.4 : 23 組成，接著將油與界面活性劑先用均質機以 600 rpm 攪拌均勻後，再加入四個等體積的去離子水（稀釋五倍）且用均質機攪拌均勻，最後加入 3 個等體積的熱水（總共稀釋二十倍），使其相反轉。中溫乳化液配置方法為：油與界面活性以 10 : 1 的比例混和，界面活性劑則是由 Tween 20、Tween 80、Span 80 以 48 : 26 : 26 的比例混和，其餘步驟同高溫乳化液。低溫乳化液配置方法為：油與界面活性以 1 : 1 的比例混和，界面活性劑則是由 Tween 20、Tween 80、Span 80 以 3 : 2 : 95 的比例混和，其餘步驟同高溫乳化液。

1.2. 由於成分均為可食用且易生物分解，若不立即使用，應置於 4°C 之 cold room 冷藏，以免腐敗。

1.3. 若不是立即使用，可不必稀釋或加熱，可減少倉儲空間需求。

2. ISPIE/BiRD 操作

1.1 現場加熱乳化液：於現場進行乳化液加熱至相反轉溫度以上，並立即接上隔膜加壓幫浦。

1.2 注入乳化液：自試驗用管住底端入高於相反轉溫度以上之熱乳化液 1.0 PV。

1.3 保溫 30 分鐘：若是氣溫在 25°C 以上，無須保溫；但是，若氣溫低於 25°C，建議應將管住進行保溫，以免油相與污染物接觸時間過短。

1.4 NR 組加入冷水：30 分鐘過後，以隔膜加壓幫浦推入 4.0 PV 冷水，即完成 NR 組之 ISPIE。

1.5 BS 組加入營養基質：30 分鐘過後，以隔膜加壓幫浦推入 3.0 PV 冷水，最後 1.0PV 為營養基質，即完成 BS 組之 ISPIE。

1.6 BA 組加入馴養菌群與營養基質：30 分鐘過後，以隔膜加壓幫浦推入 3.0 PV 冷水，最後 1.0PV 為馴養微生物與營養基質，即完成 BA 組之 ISPIE。

1.7 BiRD：此部分即利用殘餘之乳化液進行生物分解，維持後續監測，時間至少 70 天。

1.8 採樣與監測：採樣時以每管柱採樣至少 3 個樣品為準，在現場完成封裝標示，並且置於 4°C 以下 cooler 攜回實驗室。

1.9 前處理與分析：依照實驗室底泥與土壤分析前處理標準作業程序進行，分析則依據環檢所相關方法進行。

3. 本作業程序經張書奇老師核定日起實施，修正時亦同。

五、相關文件：



附件

1. 永續生物科技實驗室 30.0 公升高速攪拌機 標準作業程序



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)



附件

附件六 檢測原始資料



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

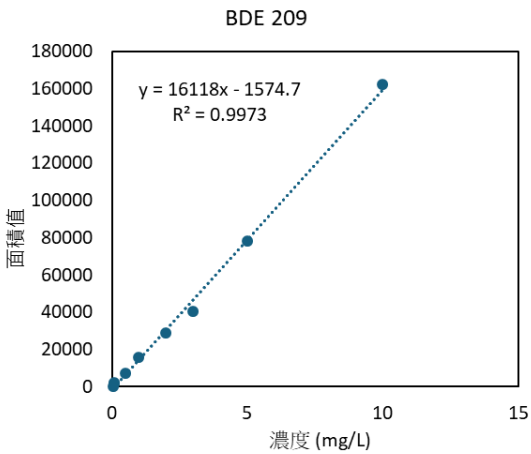
(空白頁)



附件

BDE-209 檢量線

Concentration (mg/L)	面積值
0.05	259.6
0.075	1392.2
0.10	1884.8
0.5	7024.7
1.0	15823.3
2.0	28970.2
3.0	40261.8
5.0	78315.7
10.0	162053



1. ISPIE 前後檢測資料

樣品名	濃度
WB-1	0.593
WB-2	0.329
WB-3	0.253
WA-U1	0.257
WA-U2	0.392
WA-U3	0.351
WA-L1	0.364
WA-L2	0.189
WA-L3	0.281
FB-1	21.802
FB-2	19.555
FB-3	22.327
FA-U1	16.847
FA-U2	13.064
FA-U3	12.386
FA-L1	14.015
FA-L2	10.924
FA-L3	11.662



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

2. 底泥採樣分析資料

樣品名	0	17	30	44	59	74	85
B-WBK-U	0.2341	0.2439	0.2793	0.2077	0.1916	0.2489	0.262
B-WBK-L	0.2341	0.2382	0.4209	0.2759	0.2702	0.2677	0.2969
A-WNR-U	0.4015	0.255	0.3019	0.3505	0.2729	0.2758	0.2551
A-WNR-L	0.4464	0.3221	0.2272	0.1172	0.1752	0.1903	0.1509
A-WBS-U	0.5533	0.4643	0.5012	0.491	0.6253	0.5895	0.5408
A-WBS-L	0.4512	0.3347	0.3774	0.2812	0.2778	0.3347	0.2974
A-WBA-U	0.6694	0.5599	0.4011	0.5536	0.4494	0.6546	0.4891
A-WBA-L	0.4483	0.4013	0.2668	0.3908	0.4651	0.3623	0.372
B-FBK-U	24.148	13.11	9.5078	16.732	10.164	13.288	10.317
B-FBK-L	24.148	15.75	7.7281	9.5065	11.368	10.303	10.671
A-FNR-U	28.519	16.162	14.825	18.397	10.475	13.303	14.732
A-FNR-L	21.468	8.869	7.2293	9.7004	3.4034	4.6165	3.9788
A-FBS-U	26.56	26.814	18.531	15.761	5.757	15.73	9.2543
A-FBS-L	16.409	4.0492	9.0554	3.545	2.33	4.5188	2.1308
A-FBA-U	21.955	12.972	11.001	9.7636	14.144	13.478	11.882
A-FBA-L	11.965	8.0374	5.3544	7.0501	4.7093	6.8152	4.8174

3. 水質檢測原始資料

A. pH

組別	0	17	30	44	59	74	85
WBK	7.07	7.38	7.01	7.72	8.04	7.8	7.45
WNR	6.63	7.38	7.14	7.66	7.8	7.7	7.8
WBS	6.57	7.33	7.88	7.51	7.53	7.38	7.55
WBA	6.58	7.28	7.84	7.5	7.65	7.63	7.4
FBK	6.95	7.14	7.58	7.84	8.1	7.47	7.44
FNR	6.62	7.24	7.66	8.01	7.78	7.46	7.45
FBS	6.35	7.27	7.53	7.85	8.11	7.47	7.38
FBA	6.4	7.25	7.73	7.72	7.77	7.4	7.36



附件

B. 溫度 (°C)

組別	0	17	30	44	59	74	85
WBK	21.9	19.1	17	26.5	26.2	22.1	20.2
WNR	24.3	19.6	16.8	25.9	25.9	22	19.3
WBS	23.7	19.5	16	25	25.7	21.6	20.2
WBA	22.1	19.4	15.4	28	26.8	22	20.2
FBK	22.1	19.6	15.8	28.1	27.4	22.2	19.7
FNR	26.1	19.4	15.4	27.3	27.6	22.1	20.3
FBS	24.2	19.3	15.6	27.8	27.4	22	20.2
FBA	23.8	19.4	15.4	26.7	26.7	22.2	20.7

C. ORP (mV)

組別	0	17	30	44	59	74	85
WBK	-171	187	26	12	62	150	7
WNR	-128	154	34	-67	-25	177	7
WBS	-179	163	-74	-120	-213	-97	25
WBA	-189	159	-175	-73	73	-5	75
FBK	-163	152	27	28	-63	53	160
FNR	-153	144	-41	-43	-53	61	85
FBS	-148	141	6	34	-37	91	150
FBA	-140	139	14	-59	-82	117	75

D. DO (mg/L)

組別	0	17	30	44	59	74	85
WBK	0.17	3.42	3.14	1.96	2.05	3.18	4.5
WNR	0.03	3.93	3.85	2.6	2.47	3.69	4.73
WBS	0.03	3.67	0.63	0.52	1.34	1.59	3.44
WBA	0.03	3.42	0.64	1.27	2.12	2.54	1.92
FBK	0.12	3.83	3.55	4.34	5.32	2.19	3.52
FNR	0.95	3.74	3.8	3.48	4.81	2.21	2.02
FBS	0.1	3.55	2.58	4.13	5.3	2.38	2.21
FBA	0.05	3.31	2.86	2.59	2.71	2.08	1.42



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

E. EC (μs/cm)

組別	0	17	30	44	59	74	85
WBK	NA	1823	1867	1927	2585	1161	1901
WNR	NA	1340	1431	1914	2089	1456	1895
WBS	NA	1383	1660	2030	2457	1284	1882
WBA	NA	1882	2346	2505	2832	612	4152
FBK	NA	2408	1549	3437	3610	641	4346
FNR	NA	2378	1619	2859	3023	635	4236
FBS	NA	2358	1586	3212	2966	646	4311
FBA	NA	2345	1685	2585	2490	661	573



附件

附件七 模場試驗採樣操作日期與相關照片



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)



附件

附件七 模場試驗採樣操作日期紀錄

日期	活動	圖片	備註
111.03.17	第 1 次底泥預先採樣	圖 1	詳見第 1 年期末報告定稿
111.07.01	第 2 次底泥預先採樣	圖 2	詳見第 1 年期末報告定稿
111.11.17	第 3 次底泥預先採樣	圖 3	詳見第 1 年期末報告定稿
112.10.23	模場試驗預先採樣	圖 5-1	見 5.1 節
113.01-113.02	模場試驗設施製作	圖 4-圖 7	
113.02.17	模場試驗底泥均質化	圖 8	
113.02.18	模場試驗 ISPIE 操作	圖 9	包含 day 0 之採樣
113.02.18	現場完成之設施	圖 10	
113.03.04	模場試驗 day 17-85 之採樣	圖 11	僅是至現場將樣品帶回以及量測水質。
113.09.19	汞之背景採樣	圖 12	
113.02-113.06	實驗室底泥樣品預處理	圖 13-圖 15	

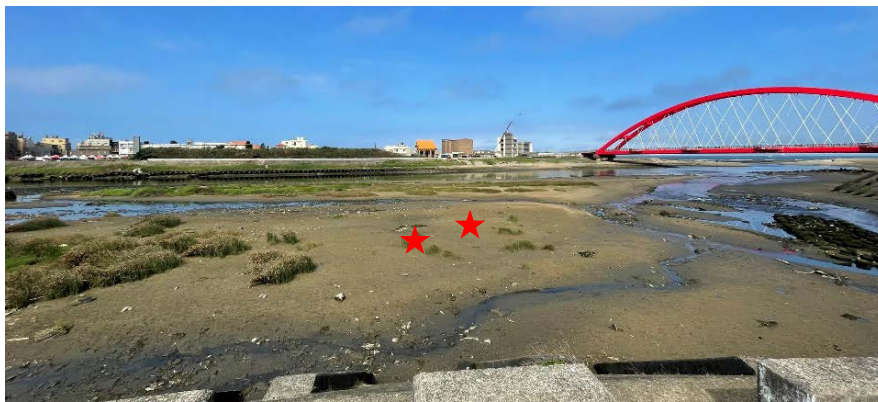


圖 1 研究場址乾潮情形及執行點位（如紅色星號）



圖 2 研究場址滿潮情形及執行點位（如紅色星號）（Google.com 並加以標示）



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)



圖 3 位於中央沙洲視角



圖 4 五金行購買之砂輪機及切割片



圖 5 長 40 cm 之 12 英吋 PVC 管



附件



圖 6 長 30 cm 之 1-1/2" PVC 管



圖 7 PVC 管剪使用情形



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)



圖 8 底泥均質化過程



圖 9 待進行 ISPIE 之底泥管柱



附件



圖 10 模場設施之第 1 群組



圖 11 113.02.18 現場安放及採樣



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)



圖 12 汞之背景採樣

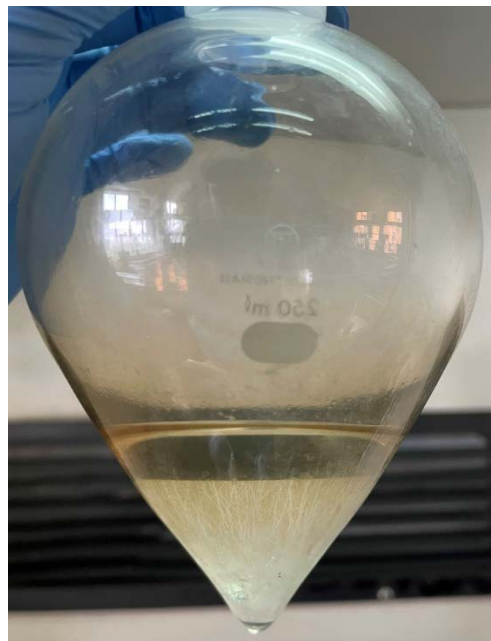


圖 13 待進行硫酸淨化之萃取液



附件

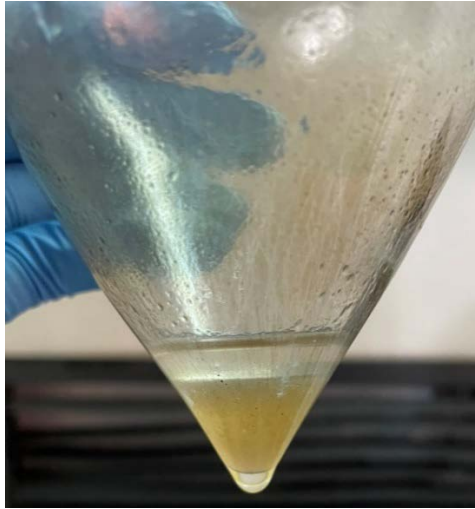


圖 14 硫酸淨化之理想分層示意圖

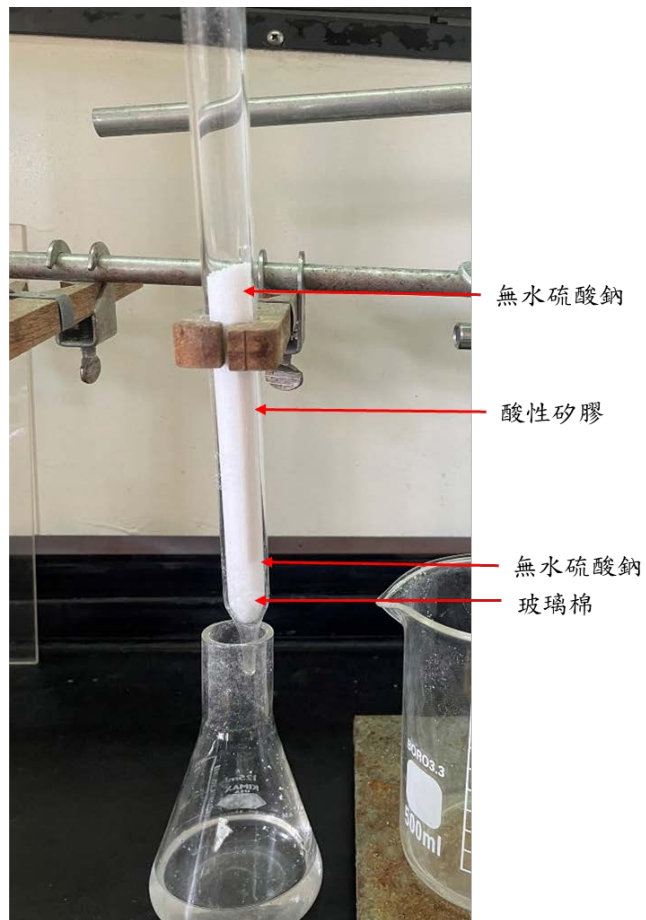


圖 15 矽膠淨化法示意圖



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)



附件

附件八 機器學習後之 Top 250 ASVs 及其菌種



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)

所有資料之 TOP 250 ASVs

Features	Importances	菌名
ASV9685	-0.12878	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacterales; f__Arcobacteraceae; g__Arcobacter; s__Arcobacter_acticola
ASV_9604	-0.09207	k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Vicinamibacteria; o__Vicinamibacteriales; f__Vicinamibacteraceae; g__Vicinamibacter; s__Vicinamibacter_silvestris
ASV_17256	0.091155	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Selenomonadales; f__Sporomusaceae; g__Pelosinus; s__Pelosinus_propionicus DSM 13327
ASV_15326	-0.08041	Unassigned
ASV_3766	-0.07668	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Ectothiorhodospiraceae; g__Thioalkalivibrio; s__Thioalkalivibrio_sulfidiphilus
ASV_16665	-0.07087	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Hyphomicrobiales; f__Rhodovibrionaceae; g__Pelagibius; s__Pelagibius_marinus
ASV_5866	-0.07081	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Actinomycetia; o__Corynebacteriales; f__Mycobacteriaceae; g__Mycolicibacterium; s__Mycolicibacterium_cosmeticum
ASV_10316	-0.06842	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Dysosmobacter; s__Dysosmobacter_acutus
ASV_9907	-0.06773	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Neisseriales; f__Chromobacteriaceae; g__Vogesella; s__Vogesella_amnigena
ASV_23618	0.063023	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriaceae; g__Alkalibaculum; s__Alkalibaculum_sporogenes
ASV_20994	0.059818	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_magnum DSM 2767
ASV_8372	0.059524	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Bacillales; f__Bacillaceae; g__Bacillus; s__Bacillus_pumilus
ASV_9950	-0.05931	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Bacillales; f__Bacillaceae; g__Priestia; s__Priestia_koreensis
ASV_16139	-0.05543	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Lachnospiraceae; g__Anaerocolumna; s__Anaerocolumna_cellulosilytica
ASV_16809	-0.05201	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geothermobacter; s__Geothermobacter_hydrogeniphilus
ASV_1581	-0.05195	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Chromatiaceae; g__Pararheinheimera; s__Pararheinheimera_texasensis
ASV_4146	0.051822	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Acetobacteroides; s__Acetobacteroides_hydrogenigenes
ASV_780	0.051794	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Porphyromonadaceae; g__Macellibacteroides; s__Macellibacteroides_fermentans
ASV_21125	-0.05057	k__Bacteria; p__Ignavibacteriae; c__Ignavibacteria; o__Ignavibacteriales; f__Ignavibacteriaceae; g__Ignavibacterium; s__Ignavibacterium_album JCM 16511
ASV_15012	-0.05009	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Tepidibaculum; s__Tepidibaculum_saccharolyticum
ASV_5697	0.049195	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Petroclostridium; s__Petroclostridium_xylanilyticum
ASV_6688	-0.04876	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Lentimicrobiaceae; g__Lentimicrobium; s__Lentimicrobium_saccharophilum
ASV_1529	0.048427	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Tenuifilaceae; g__Perlabentimonas; s__Perlabentimonas_gracilis
ASV_2910	0.047209	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Prolixibacter; s__Prolixibacter_denitrificans
ASV_2103	-0.04497	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_huakuii
ASV_1975	0.044318	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_3561	-0.04384	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Neisseriales; f__Chromobacteriaceae; g__Vogesella; s__Vogesella_amnigena
ASV_4346	-0.04321	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__Gemmatimonadetes; o__Gemmatimonadales; f__Gemmatimonadaceae; g__Gemmatimonas; s__Gemmatimonas_aurantiaca T-27
ASV_10932	0.041589	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__Longimicrobia; o__Longimicrobiales; f__Longimicrobiaceae; g__Longimicrobium; s__Longimicrobium_terrae
ASV_9695	0.040858	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Oscillibacter; s__Oscillibacter_valericigenes
ASV_14894	-0.03928	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Burkholderiaceae; g__Zeimonas; s__Zeimonas_arvi
ASV_10420	0.038088	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Phycisphaerae; o__Sedimentisphaerales; f__Anaerohalosphaeraceae; g__Anaerohalosphaera; s__Anaerohalosphaera_lusitana
ASV_13913	-0.03766	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriaceae; g__Acetobacterium; s__Acetobacterium_fimetarium
ASV_7984	0.036863	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_pickeringii
ASV_13099	-0.03572	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Dysosmobacter; s__Dysosmobacter_acutus
ASV_1035	0.035547	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Prolixibacter; s__Prolixibacter_denitrificans
ASV_17114	0.034891	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Citri fermentans; s__Citri fermentans_pelophilum

南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

Features	Importances	菌名
ASV_16901	-0.03443	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Caulobacteriales; f__Caulobacteraceae; g__Phenylobacterium; s__Phenylobacterium_composti DSM 19425
ASV_19275	-0.03154	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfocapsaceae; g__Desulfosediminicola; s__Desulfosediminicola_ganghwensis
ASV_16631	0.031439	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Desulfuromonadaceae; g__Desulfuromonas; s__Desulfuromonas_carbonis
ASV_4812	0.030947	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Ornatilinea; s__Ornatilinea_apprima
ASV_11296	0.030914	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Bacillales; f__Bacillaceae; g__Bacillus; s__Bacillus_wiedmannii
ASV_2485	-0.03055	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Thiobacillaceae; g__Parasulfuritortus; s__Parasulfuritortus_cantonensis
ASV_2497	0.029988	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Sulfurisoma; s__Sulfurisoma_sediminicola
ASV_23584	0.029799	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Christensenellaceae; g__Christensenella; s__Christensenella_minuta
ASV_12556	0.028834	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_metallireducens
ASV_8501	-0.02844	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuovibrionales; f__Desulfonatraceae; g__Desulfonatrum; s__Desulfonatrum_cooperativum
ASV_8113	0.028216	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Desulfuromonadaceae; g__Desulfuromonas; s__Desulfuromonas_michiganensis
ASV_1818	-0.02819	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfatitalea; s__Desulfatitalea_tepidiphila
ASV_3519	-0.02819	k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Vicinamibacteria; o__Vicinamibacteriales; f__Vicinamibacteraceae; g__Luteitalea; s__Luteitalea_pratensis
ASV_7187	0.027814	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Aggregatilineales; f__Aggregatilineaceae; g__Aggregatilinea; s__Aggregatilinea_lenta
ASV_22762	-0.02759	Unassigned
ASV_14649	0.027561	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Burkholderiales; g__Thiobacter; s__Thiobacter_subterraneus
ASV_23531	-0.02723	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Erysipelotrichia; o__Erysipelotrichales; f__Erysipelotrichaceae; g__Breznakia; s__Breznakia_pachnodae
ASV_5179	0.026959	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Chromatiaceae; g__Imhoffiella; s__Imhoffiella_purpurea
ASV_19942	0.026269	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Puteibacter; s__Puteibacter_caeruleilacunae
ASV_6498	-0.02601	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Acidaminococcales; f__Acidaminococcaceae; g__Phascolarctobacterium; s__Phascolarctobacterium_succinatutens
ASV_3123	-0.0256	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Chromatiales; g__Thiohalobacter; s__Thiohalobacter_thiocyanaticus
ASV_11561	-0.02538	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Phycisphaerae; o__Sedimentisphaerales; f__Anaerohalosphaeraceae; g__Anaerohalosphaera; s__Anaerohalosphaera_lusitana
ASV_15039	0.025305	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Petroclostridium; s__Petroclostridium_xylanilyticum
ASV_493	0.024301	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuovibrionales; f__Desulfomicrobiaceae; g__Desulfomicrobium; s__Desulfomicrobium_norvegicum
ASV_16677	-0.02405	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophobacteriales; f__Syntrophobacteraceae; g__Syntrophobacterium; s__Syntrophobacterium_sulfatireducens
ASV_14578	-0.02388	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Thermomarinilinea; s__Thermomarinilinea_lacunifontana
ASV_3662	-0.02379	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Burkholderiaceae; g__Zeimonas; s__Zeimonas_arvi
ASV_14118	-0.02373	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Levilina; s__Levilina_saccharolytica
ASV_10428	0.023728	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Actinomycetia; o__Micrococcales; f__Bogoriellaceae; g__Georgenia; s__Georgenia_deserti
ASV_7807	-0.02343	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Prolixibacter; s__Prolixibacter_denitrificans
ASV_2960	0.023151	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Sulfurisoma; s__Sulfurisoma_sediminicola
ASV_8962	0.023137	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_palmitatica
ASV_10906	-0.02305	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Christensenellaceae; g__Christensenella; s__Christensenella_minuta
ASV_1546	-0.0228	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_saccharoperbutylacetonicum
ASV_3458	0.0226	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_21120	0.022336	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Marinilabiliaceae; g__Natronoflexus; s__Natronoflexus_pectinivorans
ASV_9262	-0.02202	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Georgfuchsia; s__Georgfuchsia_toluolica

Features	Importances 菌名
ASV_11894	-0.02195 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfonema; s__Desulfonema_magnum str. Montpellier
ASV_18871	0.02137 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_jeddahitimonense
ASV_21142	0.021127 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacterales; f__Sulfurospirillaceae; g__Sulfurospirillum; s__Sulfurospirillum_cavolei
ASV_9	0.021013 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Sulfurisoma; s__Sulfurisoma_sediminicola
ASV_9029	-0.02039 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_saccharoperbutylacetonicum
ASV_17943	-0.02018 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Desulfuromonadaceae; g__Desulfuromusa; s__Desulfuromusa_kysingii
ASV_13388	-0.01981 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Peptostreptococcaceae; g__Romboutsia; s__Romboutsia_timonensis
ASV_2261	0.019775 Unassigned
ASV_12164	0.019749 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Rhodocyclales; f__Zoogloeaceae; g__Zoogloea; s__Zoogloea_oryzae
ASV_10341	0.019662 k__Bacteria; p__Synergistetes; c__Synergistia; o__Synergistales; f__Synergistaceae; g__Thermovirga; s__Thermovirga_lienii
ASV_9612	-0.01946 k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Vicinamibacteria; o__Vicinamibacteriales; f__Vicinamibacteriaceae; g__Luteitalea; s__Luteitalea_pratensis
ASV_2303	-0.01938 k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Spirochaetaceae; g__Alkalispirochaeta; s__Alkalispirochaeta_americana
ASV_3737	-0.0191 k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Vicinamibacteria; o__Vicinamibacteriales; f__Vicinamibacteriaceae; g__Luteitalea; s__Luteitalea_pratensis
ASV_11392	0.019079 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Anaerocella; s__Anaerocella_delicata
ASV_16836	0.019026 Unassigned
ASV_12559	0.019009 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_jeddahitimonense
ASV_18297	0.018842 k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Actinomycetia; o__Micrococcales; f__Micrococcaceae; g__Arthrobacter; s__Arthrobacter_nitrophenolicus
ASV_19750	0.018676 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Syntrophotaleaceae; g__Syntrophotalea; s__Syntrophotalea_acetylenica
ASV_20210	-0.01857 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_15634	-0.01851 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Neisseriales; f__Chromobacteriaceae; g__Vogesella; s__Vogesella_amnigena
ASV_6702	-0.01842 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Oscillibacter; s__Oscillibacter_valericigenes
ASV_3258	-0.01829 k__Bacteria; p__Nitrospirae; c__Thermodesulfovibrionia; o__Thermodesulfovibrionales; f__Thermodesulfovibrionaceae; g__Thermodesulfovibrio; s__Thermodesulfovibrio_hydrogeniphilus DSM 18151
ASV_8664	0.017543 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Williamwhitmaniaceae; g__Williamwhitmania; s__Williamwhitmania_taraxaci
ASV_4643	-0.01735 k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Caldilineae; o__Caldilineales; f__Caldilineaceae; g__Caldilinea; s__Caldilinea_aerophila DSM 14535 = NBRC 104270
ASV_11313	0.017095 k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Acidobacteriia; o__Acidobacteriales; f__Acidobacteriaceae; g__Acidobacterium; s__Acidobacterium_capsulatum ATCC 51196
ASV_3603	0.017009 k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Rubrobacteria; o__Gaiellales; f__Gaiellaceae; g__Gaiella; s__Gaiella_occulta
ASV_12503	0.016929 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales; g__Intestinimonas; s__Intestinimonas_timonensis
ASV_10894	-0.01658 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Anaerotruncus; s__Anaerotruncus_massiliensis
ASV_3302	-0.01619 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_huakuii
ASV_20669	0.015968 k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Thermomarinilinea; s__Thermomarinilinea_lacunifontana
ASV_20807	-0.01595 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g__Fusibacter; s__Fusibacter_ferrireducens
ASV_404	0.015618 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfovibrionales; f__Desulfomicrobiaceae; g__Desulfomicrobium; s__Desulfomicrobium_norvegicum
ASV_18138	0.015598 Unassigned
ASV_13919	-0.0154 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Anaerocella; s__Anaerocella_delicata
ASV_14407	0.015312 k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__Gemmatimonadetes; o__Gemmatimonadales; f__Gemmatimonadaceae; g__Gemmatimonas; s__Gemmatimonas_aurantiaca T-27
ASV_6290	0.015289 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Syntrophus; s__Syntrophus_aciditrophicus
ASV_2602	0.01518 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Lentimicrobiaceae; g__Lentimicrobium; s__Lentimicrobium_saccharophilum
ASV_5569	-0.01498 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Neisseriales; f__Chromobacteriaceae; g__Vogesella; s__Vogesella_oryzae

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

Features	Importances 菌名
ASV_1008	-0.01457 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Clostridiaceae; g_Clostridium; s_Clostridium_jeddahitimonense
ASV_1720	0.014424 k_Bacteria; p_Actinobacteria; c_Coriobacteriia; o_Eggerthellales; f_Eggerthellaceae; g_Raoulitibacter; s_Raoulitibacter_timonensis
ASV_12927	-0.0143 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Syntrophales; f_Syntrophaceae; g_Desulfobacca; s_Desulfobacca_acetoxidans DSM 11109
ASV_15344	-0.01405 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Oscillospiraceae; g_Oscillibacter; s_Oscillibacter_valericigenes
ASV_11901	0.014015 k_Bacteria; p_Calditrichaeota; c_Calditrichaeota; o_Calditrichaeota; f_Calditrichaeota; g_Calorithrix; s_Calorithrix_insularis
ASV_2629	0.014002 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Oscillospiraceae; g_Acetivibrio; s_Acetivibrio_straminisolvans
ASV_9778	0.013888 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Peptococcaceae; g_Dehalobacterium; s_Dehalobacterium_formicoaceticum
ASV_11366	-0.01366 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Betaproteobacteria; o_Rhodocyclales; f_Zoogloeaceae; g_Zoogloea; s_Zoogloea_ramigera
ASV_6575	0.013488 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Betaproteobacteria; o_Burkholderiales; f_Alcaligenaceae; g_Derxia; s_Derxia_gummosa
ASV_6372	-0.01319 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Gammaproteobacteria; o_Nevskiales; f_Steroidobacteraceae; g_Steroidobacter; s_Steroidobacter_agariperforans
ASV_16178	0.012831 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Gammaproteobacteria; o_Chromatiales; f_Ectothiorhodospiraceae; g_Thioalkalivibrio; s_Thioalkalivibrio_sulfidiphilus
ASV_7428	0.012692 k_Bacteria; p_Acidobacteria; c_Vicinamibacteria; o_Vicinamibacteriales; f_Vicinamibacteraceae; g_Vicinamibacter; s_Vicinamibacter_silvestris
ASV_735	0.012641 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Clostridiaceae; g_Lutispora; s_Lutispora_thermophila DSM 19022
ASV_11916	0.012595 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Syntrophomonadaceae; g_Syntrophomonas; s_Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_4381	0.012362 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Gammaproteobacteria; o_Nevskiales; f_Steroidobacteraceae; g_Steroidobacter; s_Steroidobacter_gossypii
ASV_15571	-0.01232 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Oscillospiraceae; g_Ruminiclostridium; s_Ruminiclostridium_cellobioparum subsp. termitidis
ASV_11223	-0.01231 Unassigned
ASV_8745	0.012185 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Syntrophobacteriales; f_Syntrophobacteraceae; g_Desulfoglaeba; s_Desulfoglaeba_alkanexedens ALDC
ASV_10037	-0.01207 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Deltaproteobacteria; f_Deltaproteobacteria; g_Dissulfurimicrobium; s_Dissulfurimicrobium_hydrothermale
ASV_6488	0.012002 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Gammaproteobacteria; o_Chromatiales; f_Thioalkalispiraceae; g_Sulfurivermis; s_Sulfurivermis_fontis
ASV_586	0.011807 k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Rikenellaceae; g_Acetobacteroides; s_Acetobacteroides_hydrogenigenes
ASV_8688	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g_Acidaminobacter; s_Acidaminobacter_hydrogenoformans
ASV_636	0.011161 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Desulfovibrionales; f_Desulfomicrobiaceae; g_Desulfomicrobium; s_Desulfomicrobium_norvegicum
ASV_4026	-0.01113 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Alphaproteobacteria; o_Rhodospirillales; f_Geminicoccaceae; g_Arboricoccus; s_Arboricoccus_pini
ASV_9513	0.011079 k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Porphyrimonadaceae; g_Macellibacteroides; s_Macellibacteroides_fermentans
ASV_621	0.010946 k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Rikenellaceae; g_Acetobacteroides; s_Acetobacteroides_hydrogenigenes
ASV_7833	0.010917 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Syntrophobacteriales; f_Syntrophobacteraceae; g_Desulforhabdus; s_Desulforhabdus_amnigena
ASV_6344	0.010912 k_Bacteria; p_Gemmatimonadetes; c_Longimicrobia; o_Longimicrobiales; f_Longimicrobiaceae; g_Longimicrobium; s_Longimicrobium_terrae
ASV_6034	0.010871 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Peptococcaceae; g_Desulforadius; s_Desulforadius_tongensis
ASV_1276	-0.01084 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Betaproteobacteria; o_Nitrosomonadales; f_Nitrosomonadaceae; g_Nitrosomonas; s_Nitrosomonas_nitrosa
ASV_695	-0.01083 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Epsilonproteobacteria; o_Campylobacteriales; f_Thiovulaceae; g_Sulfuricurvum; s_Sulfuricurvum_kujiense
ASV_20291	0.010609 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Desulfovibrionales; f_Desulfovibrionaceae; g_Desulfocurvus; s_Desulfocurvus_thunnarius
ASV_13471	0.010424 k_Bacteria; p_Ignavibacteriae; c_Ignavibacteria; o_Ignavibacteriales; f_Melioribacteraceae; g_Melioribacter; s_Melioribacter_roseus P3M-2
ASV_8079	0.010355 k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Gammaproteobacteria; o_Chromatiales; f_Ectothiorhodospiraceae; g_Thioalkalivibrio; s_Thioalkalivibrio_sulfidiphilus
ASV_7345	0.010242 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Erysipelotrichia; o_Erysipelotrichales; f_Erysipelotrichaceae; g_Breznakia; s_Breznakia_pachnodae
ASV_733	-0.01017 k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Bacilli; o_Bacillales; f_Bacillaceae; g_Bacillus; s_Bacillus_spizizenii
ASV_14757	-0.00992 k_Bacteria; p_Ignavibacteriae; c_Ignavibacteria; o_Ignavibacteriales; f_Ignavibacteriaceae; g_Ignavibacterium; s_Ignavibacterium_album JCM 16511
ASV_12489	0.009919 k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Bacteroidaceae; g_Bacteroides; s_Bacteroides_luti

Features	Importances 菌名
ASV_16718	-0.00975 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Chitinophagia; o__Chitinophagales; f__Chitinophagaceae; g__Flavipsychrobacter; s__Flavipsychrobacter_stenotrophus
ASV_4452	-0.00964 k__Bacteria; p__Nitrospirae; c__Thermodesulfovibrionia; o__Thermodesulfovibrionales; f__Thermodesulfovibrionaceae; g__Thermodesulfovibrio; s__Thermodesulfovibrio_hydrogeniphilus DSM 18151
ASV_15509	-0.00959 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__Bacteroides_graminisolvens
ASV_8164	-0.00943 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Tannerellaceae; g__Parabacteroides; s__Parabacteroides_merdae
ASV_19957	-0.00921 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Chromatiaceae; g__Halochromatium; s__Halochromatium_roseum
ASV_27	-0.00921 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Selenomonadales; f__Sporomusaceae; g__Anaerosinus; s__Anaerosinus_glycerini
ASV_4083	0.009157 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Thermoanaerobacterales; f__Thermoanaerobacteraceae; g__Thermodesulfitimonas; s__Thermodesulfitimonas_autotrophica
ASV_12574	-0.00892 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Ectothiorhodospiraceae; g__Thioalkalivibrio; s__Thioalkalivibrio_sulfidiphilus
ASV_19933	0.008903 k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Pirellulaceae; g__Lignipirellula; s__Lignipirellula_cremea
ASV_14729	0.008832 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Ectothiorhodospiraceae; g__Thioalkalivibrio; s__Thioalkalivibrio_sulfidiphilus
ASV_11750	0.008777 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Williamwhitmaniaceae; g__Williamwhitmania; s__Williamwhitmania_taraxaci
ASV_21812	-0.00869 Unassigned
ASV_12885	-0.00863 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_852	0.008529 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Tissierellia; o__Tissierellia; f__Tissierellia; g__Sedimentibacter; s__Sedimentibacter_saalensis
ASV_15426	0.008409 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Woeseiaceae; g__Woeseia; s__Woeseia_oceani
ASV_7237	-0.0084 k__Bacteria; p__Cyanobacteria; c__Cyanobacteria; o__Oscillatoriales; f__Microcoleaceae; g__Planktothricoides; s__Planktothricoides_raciborskii
ASV_12680	-0.00835 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Lachnospiraceae; g__Anaerocolumna; s__Anaerocolumna_sedimenticola
ASV_21892	0.008348 k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Spirochaetaceae; g__Sediminispirochaeta; s__Sediminispirochaeta_bajacaliforniensis
ASV_11483	-0.00822 k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Thermoguttaceae; g__Thermostilla; s__Thermostilla_marina
ASV_127	-0.00806 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_punense
ASV_21279	-0.00804 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Oxobacter; s__Oxobacter_pfennigii
ASV_16670	0.008005 Unassigned
ASV_10700	0.007927 k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Acidobacteriia; o__Acidobacteriales; f__Acidobacteriaceae; g__Pseudacidobacterium; s__Pseudacidobacterium_ailaui
ASV_14636	0.007887 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophobacterales; f__Syntrophobacteraceae; g__Syntrophobacterium; s__Syntrophobacterium_sulfatireducens
ASV_13260	-0.00771 Unassigned
ASV_20357	0.007667 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Myxococcales; f__Kofleriaceae; g__Haliangium; s__Haliangium_tepidum
ASV_10292	0.007554 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Lachnospiraceae; g__Lachnoclostridium; s__Lachnoclostridium_phytofermentans
ASV_11446	-0.00748 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacterales; f__Arcobacteraceae; g__Arcobacter; s__Arcobacter_acticola
ASV_3198	0.007429 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_15650	0.007269 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Hyphomicrobiales; f__Aestuariivirgaceae; g__Aestuariivirga; s__Aestuariivirga_litoralis
ASV_4290	-0.00724 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfovibrionales; f__Desulfomicrobiaceae; g__Desulfomicrobium; s__Desulfomicrobium_norvegicum
ASV_22796	0.007081 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_sporogenes
ASV_16799	-0.00673 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Mucinivorans; s__Mucinivorans_hirudinis
ASV_14935	0.006684 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Trichlorobacter; s__Trichlorobacter_lovleyi SZ
ASV_3084	-0.00656 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Aeromonadales; f__Aeromonadaceae; g__Aeromonas; s__Aeromonas_diversa
ASV_9711	-0.00655 Unassigned
ASV_19261	-0.00649 k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Spirochaetaceae; g__Sediminispirochaeta; s__Sediminispirochaeta_bajacaliforniensis

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

Features	Importances 菌名
ASV_20777	-0.00649 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Burkholderiales; g__Thiobacter; s__Thiobacter_subterraneus
ASV_3022	0.006348 Unassigned
ASV_6446	0.006243 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Syntrophus; s__Syntrophus_aciditrophicus
ASV_1790	-0.00624 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Sunxiuqinia; s__Sunxiuqinia_indica
ASV_5354	-0.00621 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Lactobacillales; f__Carnobacteriaceae; g__Trichococcus; s__Trichococcus_pasteurii
ASV_6563	0.006186 k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Thermoleophilia; o__Solirubrobacterales; f__Conexibacteraceae; g__Conexibacter; s__Conexibacter_arvalis
ASV_179	0.006163 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Pseudomonadales; f__Pseudomonadaceae; g__Stutzerimonas; s__Stutzerimonas_stutzeri
ASV_445	0.005996 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_pickeringii
ASV_3608	0.005944 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Gracilibacteraceae; g__Gracilibacter; s__Gracilibacter_thermotolerans JW/YJL-S1
ASV_12858	-0.00592 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Tannerellaceae; g__Parabacteroides; s__Parabacteroides_chongii
ASV_8881	0.005737 k__Bacteria; p__Lentisphaerae; c__Oligosphaeria; o__Oligosphaerales; f__Oligosphaeraeae; g__Oligosphaera; s__Oligosphaera_ethanolica
ASV_16445	-0.0057 Unassigned
ASV_2066	0.005692 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfovibrionales; f__Desulfomicrobiaceae; g__Desulfomicrobium; s__Desulfomicrobium_norvegicum
ASV_10624	-0.00563 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_punense
ASV_17295	-0.00559 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Alcaligenaceae; g__Dexia; s__Dexia_gummosa
ASV_18733	-0.00549 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Saprospiria; o__Saprospirales; f__Lewinellaceae; g__Lewinella; s__Lewinella_cohaerens
ASV_6753	-0.00541 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Tannerellaceae; g__Parabacteroides; s__Parabacteroides_chartae
ASV_20780	-0.00538 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Xanthomonadales; f__Xanthomonadaceae; g__Pseudoxanthomonas; s__Pseudoxanthomonas_daejeonensis
ASV_1130	-0.00529 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_disporicum
ASV_1611	-0.00522 k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Thermoanaerobaculia; o__Thermoanaerobaculales; f__Thermoanaerobaculaceae; g__Thermoanaerobaculum; s__Thermoanaerobaculum_aquaticum
ASV_14846	-0.0052 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriaceae; g__Alkalibaculum; s__Alkalibaculum_sporogenes
ASV_14328	0.005179 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfobulbus; s__Desulfobulbus_propionicus DSM 2032
ASV_23668	0.005145 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Peptococcaceae; g__Thermanaerosceptrum; s__Thermanaerosceptrum_fractalcis
ASV_10131	0.005029 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_saccharobutylicum
ASV_6929	0.004991 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfococcus; s__Desulfococcus_multivorans
ASV_11088	-0.00498 k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Spirochaetaceae; g__Sediminispirochaeta; s__Sediminispirochaeta_bajacaliforniensis
ASV_20282	0.004962 k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Thermoguttaceae; g__Thermostilla; s__Thermostilla_marina
ASV_21350	0.004954 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_16740	-0.0049 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Sporobacter; s__Sporobacter_terminidis
ASV_10293	0.004887 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfatitalea; s__Desulfatitalea_tepidiphila
ASV_6021	-0.00478 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Puteibacter; s__Puteibacter_caeruleilacunae
ASV_5647	0.004746 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Tissierellia; o__Tissierellia; f__Tissierellia; g__Sedimentibacter; s__Sedimentibacter_saaleensis
ASV_4847	0.004604 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Thiobacillaceae; g__Thiobacillus; s__Thiobacillus_thioparus
ASV_8647	0.004565 k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Flavobacteriia; o__Flavobacteriales; f__Flavobacteriaceae; g__Nonlabens; s__Nonlabens_xiamenensis
ASV_846	-0.00451 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacterales; f__Sulfurovaceae; g__Sulfurovum; s__Sulfurovum_lithotrophicum
ASV_11001	-0.0045 k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Peptostreptococcaceae; g__Peptoclostridium; s__Peptoclostridium_acidaminophilum
ASV_13399	-0.00442 k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobacteraceae; g__Algorimarina; s__Algorimarina_butyrica

Features	Importances	菌名
ASV_12467	0.004345	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Deltaproteobacteria; f__Deltaproteobacteria; g__Dissulfurimicrobium; s__Dissulfurimicrobium_hydrothermale
ASV_9354	0.004237	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Myxococcales; f__Polyangiaceae; g__Chondromyces; s__Chondromyces_pediculatus
ASV_1960	-0.00423	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Thiovulaceae; g__Sulfuricurvum; s__Sulfuricurvum_kujiense
ASV_4316	-0.00413	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Aeromonadales; f__Aeromonadaceae; g__Aeromonas; s__Aeromonas_taiwanensis
ASV_1594	-0.00407	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriaceae; g__Acetobacterium; s__Acetobacterium_fimetarium
ASV_2335	-0.00396	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Chitinophagia; o__Chitinophagales; f__Chitinophagaceae; g__Flaviumibacter; s__Flaviumibacter_cheonanensis
ASV_18298	-0.00389	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Porphyromonadaceae; g__Macellibacteroides; s__Macellibacteroides_fermentans
ASV_642	0.003872	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_7497	-0.00386	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Ercella; s__Ercella_succinigenes
ASV_10540	0.003756	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Tissierellia; o__Tissierellia; f__Tissierellia; g__Sedimentibacter; s__Sedimentibacter_saalensis
ASV_7520	0.003755	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Prolixibacter; s__Prolixibacter_denitrificans
ASV_7007	0.003737	k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Thermoanaerobaculia; o__Thermoanaerobaculales; f__Thermoanaerobaculaceae; g__Thermoanaerobaculum; s__Thermoanaerobaculum_aquaticum
ASV_14789	-0.00367	k__Bacteria; p__Cyanobacteria; c__Cyanobacteria; o__Nostocales; f__Cyanomargaritaceae; g__Cyanomargarita; s__Cyanomargarita_melechinii
ASV_16421	0.00367	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Pirellulaceae; g__Lignipirellula; s__Lignipirellula_cremea
ASV_8183	0.003626	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Phycisphaerae; o__Tepidisphaerales; f__Tepidisphaeraceae; g__Tepidisphaera; s__Tepidisphaera_mucosa
ASV_7510	0.003605	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Leptospirales; f__Leptospiraceae; g__Leptospira; s__Leptospira_ryugenii
ASV_7432	0.003579	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Acidimicrobiia; o__Acidimicrobiales; f__Iamiaceae; g__Rhabdothermincola; s__Rhabdothermincola_salaria
ASV_10674	0.003565	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_20406	0.003541	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Sulfurospirillaceae; g__Sulfurospirillum; s__Sulfurospirillum_cavolei
ASV_22259	0.003539	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Caldilineae; o__Caldilineales; f__Caldilineaceae; g__Caldilinea; s__Caldilinea_aerophila DSM 14535 = NBRC 104270
ASV_8049	-0.00353	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_saccharoperbutylacetonicum
ASV_14614	0.003512	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Sulfurisoma; s__Sulfurisoma_sediminicola
ASV_18579	-0.00348	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Erysipelotrichia; o__Erysipelotrichales; f__Erysipelotrichaceae; g__Breznakia; s__Breznakia_pachnodae
ASV_2650	-0.00345	k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Thermoanaerobaculia; o__Thermoanaerobaculales; f__Thermoanaerobaculaceae; g__Thermoanaerobaculum; s__Thermoanaerobaculum_aquaticum
ASV_15374	-0.00343	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Mucinivorans; s__Mucinivorans_hirudinis
ASV_2962	-0.00339	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Chromatiaceae; g__Thiohalocapsa; s__Thiohalocapsa_marina

風化組之 TOP 250 ASVs

Features	Importances	菌名
ASV_1810	0.156382	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Puteibacter; s__Puteibacter_caeruleilacunae
ASV_10094	-0.15602	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Hyphomicrobiales; f__Devesiaceae; g__Youhaiella; s__Youhaiella_tibetensis
ASV_12844	-0.12711	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Rhodocyclales; f__Zoogloeaceae; g__Zoogloea; s__Zoogloea_ramigera
ASV_17754	-0.10696	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Lachnospiraceae; g__Anaerotaenia; s__Anaerotaenia_torta
ASV_8475	-0.10607	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Burkholderiaceae; g__Zeimonas; s__Zeimonas_arvi
ASV_3370	0.09849	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Porphyromonadaceae; g__Macellibacteroides; s__Macellibacteroides_fermentans
ASV_3771	-0.09233	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Sporobacter; s__Sporobacter_termitidis
ASV_4856	0.088039	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g__Fusibacter; s__Fusibacter_fontis
ASV_18458	-0.08349	k__Bacteria; p__Armatimonadetes; c__Armatimonadia; o__Capsulimonadales; f__Capsulimonadaceae; g__Capsulimonas; s__Capsulimonas_corticalis
ASV_9289	0.081561	k__Bacteria; p__Fusobacteria; c__Fusobacteriia; o__Fusobacteriales; f__Fusobacteriaceae; g__Cetobacterium; s__Cetobacterium_somerae
ASV_161	-0.08056	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Sunxiuqinia; s__Sunxiuqinia_rutila
ASV_886	0.076983	Unassigned
ASV_3879	0.073263	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__Gemmatimonadetes; o__Gemmatimonadales; f__Gemmatimonadaceae; g__Gemmatimonas; s__Gemmatimonas_phototrophica
ASV_3775	-0.0654	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Pirellulaceae; g__Lignipirellula; s__Lignipirellula_cremea
ASV_22311	0.06494	Unassigned
ASV_13150	-0.06363	k__Bacteria; p__Nitrospinae; c__Nitrospina; o__Nitrospinales; f__Nitrospinaceae; g__Nitrospina; s__Nitrospina_gracilis 3/211
ASV_12126	0.062702	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_curvata
ASV_4573	-0.06031	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Selenomonadales; f__Sporomusaceae; g__Propionispora; s__Propionispora_vibrioides
ASV_16193	0.057553	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Thermanaerotherix; s__Thermanaerotherix_daxensis
ASV_2732	0.051842	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophobacteriales; f__Syntrophobacteraceae; g__Desulfoglaeba; s__Desulfoglaeba_alkanexedens ALDC
ASV_7520	0.047861	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Prolixibacter; s__Prolixibacter_denitrificans
ASV_10031	-0.04702	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfobulbus; s__Desulfobulbus_propionicus DSM 2032
ASV_4204	-0.04664	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g__Fusibacter; s__Fusibacter_bizertensis
ASV_10324	-0.04654	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_tunisiense
ASV_5543	0.046482	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Sphaerochaetaceae; g__Pleomorphochaeta; s__Pleomorphochaeta_naphthae
ASV_2086	0.04539	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Rhodocyclales; f__Azonexaceae; g__Dechloromonas; s__Dechloromonas_agitata
ASV_19105	-0.04444	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geotalea; s__Geotalea_daltonii FRC-32
ASV_988	0.044236	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Ruminiclostridium; s__Ruminiclostridium_sufflavum
ASV_8778	0.043244	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Leptospirales; f__Leptospiraceae; g__Leptospira; s__Leptospira_ryugenii
ASV_11077	-0.04205	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_sulfurreducens subsp. ethanolicus
ASV_6027	0.041884	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Acetobacteroides; s__Acetobacteroides_hydrogenigenes
ASV_1831	-0.04164	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Leptospirales; f__Leptospiraceae; g__Leptospira; s__Leptospira_ryugenii
ASV_15318	-0.04013	k__Bacteria; p__Elusimicrobia; c__Endomicrobia; o__Endomicrobiales; f__Endomicrobiaceae; g__Endomicrobium; s__Endomicrobium_proavatum
ASV_13732	-0.04003	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Roseimarinus; s__Roseimarinus_sediminis
ASV_14781	-0.03987	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Bacillales; f__Paenibacillaceae; g__Paenibacillus; s__Paenibacillus_farraposensis
ASV_6902	-0.03699	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Marinilabiliaceae; g__Geofilum; s__Geofilum_rhodophaeum

Features	Importances	菌名
ASV_11502	0.036808	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Cellvibrionales; f__Haliaceae; g__Kineobactrum; s__Kineobactrum_salinum
ASV_13492	-0.03479	k__Bacteria; p__Synergistetes; c__Synergistia; o__Synergistales; f__Synergistaceae; g__Thermanaerovibrio; s__Thermanaerovibrio_acidaminovorans DSM 6589
ASV_22499	0.034212	Unassigned
ASV_8792	-0.0341	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_saudiense
ASV_1889	-0.03369	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Spirochaetaceae; g__Sediminispirochaeta; s__Sediminispirochaeta_bajacaliforniensis
ASV_21455	0.033235	Unassigned
ASV_13851	0.031987	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Xanthomonadales; f__Xanthomonadaceae; g__Arenimonas; s__Arenimonas_maotaiensis
ASV_10328	-0.03184	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Rhodospirillales; f__Rhodospirillaceae; g__Haematospirillum; s__Haematospirillum_jordaniae
ASV_12300	-0.03151	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_chromiireducens
ASV_1682	0.030852	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Sunxiuquinia; s__Sunxiuquinia_rutila
ASV_11285	0.030474	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Erysipelotrichia; o__Erysipelotrichales; f__Turcibacteraceae; g__Turcibacter; s__Turcibacter_sanguinis
ASV_13595	0.030085	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Pseudomonadales; f__Pseudomonadaceae; g__Pseudomonas; s__Pseudomonas_crudilactis
ASV_13880	-0.02973	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacterales; f__Arcobacteraceae; g__Arcobacter; s__Arcobacter_cloacae
ASV_9544	0.028934	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_felsineum
ASV_4543	-0.02893	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Nitrosomonadaceae; g__Nitrosomonas; s__Nitrosomonas_nitrosa
ASV_2614	0.028242	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Christensenellaceae; g__Guopingia; s__Guopingia_tenuis
ASV_1366	0.02818	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Desulfobacca; s__Desulfobacca_acetoxidans DSM 11109
ASV_7578	-0.02684	k__Bacteria; p__Cyanobacteria; o__Nostocales; f__Cyanomargaritaceae; g__Cyanomargarita; s__Cyanomargarita_melechinii
ASV_5469	0.026626	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Leptospirales; f__Leptospiraceae; g__Leptospira; s__Leptospira_ryugeni
ASV_11470	0.026004	k__Bacteria; p__Ignavibacteriae; c__Ignavibacteria; o__Ignavibacteriales; f__Melioribacteraceae; g__Melioribacter; s__Melioribacter_roseus P3M-2
ASV_1129	0.025831	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Rhodocyclales; f__Rhodocyclaceae; g__Propionivibrio; s__Propionivibrio_pelophilus
ASV_8962	-0.02565	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_palmitatica
ASV_3018	-0.0254	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Thermosediminibacterales; f__Thermosediminibacteraceae; g__Fervidicola; s__Fervidicola_ferrireducens
ASV_19639	-0.02515	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Longilinea; s__Longilinea_arvoryzae
ASV_580	0.024657	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Sunxiuquinia; s__Sunxiuquinia_rutila
ASV_5032	0.024128	k__Bacteria; p__Armatimonadetes; c__Armatimonadia; o__Capsulimonadales; f__Capsulimonadaceae; g__Capsulimonas; s__Capsulimonas_corticalis
ASV_1919	0.023001	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Saccharofermentans; s__Saccharofermentans_acetigenes
ASV_14724	-0.02119	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Bellilinea; s__Bellilinea_caldifistulae
ASV_10732	0.021114	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Rhodocyclales; f__Rhodocyclaceae; g__Propionivibrio; s__Propionivibrio_limicola
ASV_9747	-0.02066	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Sunxiuquinia; s__Sunxiuquinia_rutila
ASV_12018	-0.02033	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfobulbus; s__Desulfobulbus_propionicus DSM 2032
ASV_3585	0.019851	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacterales; f__Sulfurovaceae; g__Sulfurovum; s__Sulfurovum_indicum
ASV_14515	-0.01957	Unassigned
ASV_16751	0.019357	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Selenomonadales; f__Sporomusaceae; g__Psychrosinus; s__Psychrosinus_fermentans
ASV_3713	0.019303	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Sunxiuquinia; s__Sunxiuquinia_rutila
ASV_20120	0.019128	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Marinilabiliaceae; g__Alkaliflexus; s__Alkaliflexus_imshenetskii
ASV_7011	-0.01722	k__Bacteria; p__Armatimonadetes; c__Armatimonadia; o__Armatimonadales; f__Armatimonadaceae; g__Armatimonas; s__Armatimonas_rosea
ASV_237	0.017114	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Desulfuromonadaceae; g__Desulfuromonas; s__Desulfuromonas_michiganensis
ASV_7002	-0.01663	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfobulbus; s__Desulfobulbus_propionicus DSM 2032

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

Features	Importances	菌名
ASV_1310	-0.01659	k_Bacteria; p_Acidobacteria; c_Acidobacteriia; o_Bryobacterales; f_Bryobacteraceae; g_Paludibaculum; s_Paludibaculum_fermentans
ASV_2369	0.016205	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Eubacteriaceae; g_Alkalibacter; s_Alkalibacter_mobilis
ASV_3497	0.016082	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Syntrophomonadaceae; g_Syntrophomonas; s_Syntrophomonas_palmitatica
ASV_20084	0.015968	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Desulfobacterales; f_Desulfobulbaceae; g_Desulfobulbus; s_Desulfobulbus_rhabdoformis
ASV_10571	0.015887	k_Bacteria; p_Actinobacteria; c_Rubrobacteria; o_Rubrobacterales; f_Baekduiaceae; g_Baekduia; s_Baekduia_soli
ASV_2191	-0.01571	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Betaproteobacteria; o_Nitrosomonadales; f_Sterolibacteriaceae; g_Methyloversatilis; s_Methyloversatilis_discipulorum
ASV_14164	-0.01568	k_Bacteria; p_Verrucomicrobia; c_Verrucomicrobiae; o_Verrucomicrobiales; f_Verrucomicrobia subdivision 3; g_Limisphaera; s_Limisphaera_ngatamarikiensis
ASV_1121	0.015179	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Eubacteriaceae; g_Acetobacterium; s_Acetobacterium_wieringae
ASV_6816	0.01486	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Negativicutes; o_Selenomonadales; f_Sporomusaceae; g_Psychrosinus; s_Psychrosinus_fermentans
ASV_3091	-0.01468	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Rikenellaceae; g_Acetobacteroides; s_Acetobacteroides_hydrogenigenes
ASV_20119	-0.01424	Unassigned
ASV_1518	-0.0141	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Gammaproteobacteria; o_Cellvibrionales; f_Haliaceae; g_Marimicrobium; s_Marimicrobium_arenosum
ASV_269	0.013962	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Clostridiaceae; g_Clostridium; s_Clostridium_punense
ASV_13708	-0.0139	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g_Fusibacter; s_Fusibacter_tunisiensis
ASV_1927	0.013753	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Marinilabiales; f_Marinilabiaceae; g_Breznakibacter; s_Breznakibacter_xylanolyticus
ASV_18062	-0.0137	k_Bacteria; p_Chloroflexi; c_Anaerolineae; o_Anaerolineales; f_Anaerolineaceae; g_Bellilinea; s_Bellilinea_caldifistulae
ASV_14047	-0.01352	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Negativicutes; o_Acidaminococcales; f_Acidaminococcaceae; g_Phascolarctobacterium; s_Phascolarctobacterium_faecium
ASV_22862	-0.01323	k_Bacteria; p_Acidobacteria; c_Acidobacteriia; o_Acidobacteriales; f_Acidobacteriaceae; g_Edaphobacter; s_Edaphobacter_modestus
ASV_2176	0.012932	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Eubacteriales Family XIII. Incertae Sedis; g_Sinanaerobacter; s_Sinanaerobacter_chloroacetimidivorans
ASV_1695	-0.01291	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Betaproteobacteria; o_Nitrosomonadales; f_Thiobacillaceae; g_Thiobacillus; s_Thiobacillus_sajanensis
ASV_20104	-0.01274	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Bacteroidaceae; g_Bacteroides; s_Bacteroides_luti
ASV_12618	0.011926	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g_Fusibacter; s_Fusibacter_fontis
ASV_21202	-0.01102	k_Bacteria; p_Planctomycetota; c_Planctomycetia; o_Pirellulales; f_Pirellulaceae; g_Rubripirellula; s_Rubripirellula_lacrimiformis
ASV_5069	0.010953	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Oscillospiraceae; g_Vescimonas; s_Vescimonas_fastidiosa
ASV_10758	0.010685	Unassigned
ASV_1756	0.010268	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Tenuifilaceae; g_Perlabentimonas; s_Perlabentimonas_gracilis
ASV_9918	0.010161	k_Bacteria; p_Planctomycetota; c_Phycisphaerae; o_Sedimentisphaerales; f_Anaerohalosphaerae; g_Anaerohalosphaera; s_Anaerohalosphaera_lusitana
ASV_8922	0.010046	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Desulfobacterales; f_Desulfobacteraceae; g_Desulfatiglans; s_Desulfatiglans_parachlorophenolica
ASV_10791	0.009625	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Desulfuromonadales; f_Geobacteraceae; g_Trichlorobacter; s_Trichlorobacter_lovleyi SZ
ASV_8298	-0.00915	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Marinilabiales; f_Prolixibacteraceae; g_Puteibacter; s_Puteibacter_caeruleilacunae
ASV_11647	0.009016	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Oscillospiraceae; g_Acetivibrio; s_Acetivibrio_straminisolvans
ASV_8843	-0.00882	k_Bacteria; p_Spirochaetes; c_Spirochaetia; o_Spirochaetales; f_Spirochaetaceae; g_Spirochaeta; s_Spirochaeta_halophila
ASV_14519	-0.0087	k_Bacteria; p_Armatimonadetes; c_Armatimonadia; o_Armatimonadales; f_Armatimonadaceae; g_Armatimonas; s_Armatimonas_rosea
ASV_2462	0.008611	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Syntrophomonadaceae; g_Syntrophomonas; s_Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_713	0.008487	k_Bacteria; p_Elusimicrobia; c_Endomicrobia; o_Endomicrobiales; f_Endomicrobiaceae; g_Endomicrobium; s_Endomicrobium_proavitum
ASV_1030	0.008029	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Marinilabiales; f_Prolixibacteraceae; g_Aquipluma; s_Aquipluma_nitroreducens
ASV_4902	-0.008	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Syntrophobacterales; f_Syntrophobacteraceae; g_Desulforhabdus; s_Desulforhabdus_amnigena
ASV_3134	0.007872	k_Bacteria; p_Chloroflexi; c_Anaerolineae; o_Anaerolineales; f_Anaerolineaceae; g_Thermomarinilinea; s_Thermomarinilinea_lacunifontana

Features	Importances	菌名
ASV_12707	-0.00778	k_Bacteria; p_Elusimicrobia; c_Elusimicrobia; o_Elusimicrobiales; f_Elusimicrobiaceae; g_Elusimicrobium; s_Elusimicrobium_minutum
ASV_9432	-0.0077	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Desulfuromonadales; f_Syntrophotaleaceae; g_Syntrophotalea; s_Syntrophotalea_carbinolica DSM 2380
ASV_12439	-0.00765	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Lentimicrobiaceae; g_Lentimicrobium; s_Lentimicrobium_saccharophilum
ASV_21357	-0.00754	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Lentimicrobiaceae; g_Lentimicrobium; s_Lentimicrobium_saccharophilum
ASV_7684	-0.00729	k_Bacteria; p_Planctomycetota; c_Planctomycetia; o_Pirellulales; f_Thermoguttaceae; g_Thermostilla; s_Thermostilla_marina
ASV_8850	0.007096	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Rikenellaceae; g_Alistipes; s_Alistipes_montrealensis
ASV_21013	0.007008	k_Bacteria; p_Ignavibacteriae; c_Ignavibacteria; o_Ignavibacteriales; f_Melioribacteraceae; g_Melioribacter; s_Melioribacter_roseus P3M-2
ASV_16478	-0.00686	k_Bacteria; p_Planctomycetota; c_Planctomycetia; o_Pirellulales; f_Thermoguttaceae; g_Thermostilla; s_Thermostilla_marina
ASV_12453	-0.00678	k_Bacteria; p_Chloroflexi; c_Anaerolineae; o_Anaerolineales; f_Anaerolineaceae; g_Ornatilinea; s_Ornatilinea_apprima
ASV_7559	-0.00666	Unassigned
ASV_11903	-0.00638	k_Bacteria; p_Spirochaetes; c_Spirochaetia; o_Spirochaetales; f_Spirochaetaceae; g_Sediminispirochaeta; s_Sediminispirochaeta_smaragdinae DSM 11293
ASV_15030	-0.00631	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Porphyrimonadaceae; g_Lascolabacillus; s_Lascolabacillus_massiliensis
ASV_7491	0.006154	k_Bacteria; p_Planctomycetota; c_Phycisphaerae; o_Sedimentisphaerales; f_Anaerohalosphaeraeae; g_Anaerohalosphaera; s_Anaerohalosphaera_lusitana
ASV_18347	0.006079	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Syntrophales; f_Syntrophaceae; g_Desulfomonile; s_Desulfomonile_tiedjei DSM 6799
ASV_7133	-0.00601	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Lachnospiraceae; g_Konateibacter; s_Konateibacter_massiliensis
ASV_8437	0.005764	k_Bacteria; p_Planctomycetota; c_Phycisphaerae; o_Sedimentisphaerales; f_Anaerohalosphaeraeae; g_Anaerohalosphaera; s_Anaerohalosphaera_lusitana
ASV_16314	0.005685	k_Bacteria; p_Spirochaetes; c_Spirochaetia; o_Spirochaetales; f_Rectinemataceae; g_Rectinema; s_Rectinema_cohabitans
ASV_3590	-0.00555	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Deltaproteobacteria; o_Syntrophales; f_Syntrophaceae; g_Syntrophus; s_Syntrophus_aciditrophicus
ASV_5850	-0.0055	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Alphaproteobacteria; o_Hyphomicrobiales; f_Phylobacteriaceae; g_Salaquimonas; s_Salaquimonas_pukyongi
ASV_3275	0.005503	k_Bacteria; p_Armatimonadetes; c_Armatimonadia; o_Capsulimonadales; f_Capsulimonadaceae; g_Capsulimonas; s_Capsulimonas_corticalis
ASV_20705	-0.00542	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Chitinophagia; o_Chitinophagales; f_Chitinophagaceae; g_Terrimonas; s_Terrimonas_terrae
ASV_6124	0.005203	k_Bacteria; p_Acidobacteria; c_Holophagae; o_Holophagales; f_Holophagaceae; g_Holophaga; s_Holophaga_foetida
ASV_8410	-0.00494	k_Bacteria; p_Planctomycetota; c_Phycisphaerae; o_Sedimentisphaerales; f_Anaerohalosphaeraeae; g_Anaerohalosphaera; s_Anaerohalosphaera_lusitana
ASV_11863	0.004861	k_Bacteria; p_Chloroflexi; c_Anaerolineae; o_Anaerolineales; f_Anaerolineaceae; g_Bellilinea; s_Bellilinea_caldifistulae
ASV_10973	0.004839	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Syntrophomonadaceae; g_Syntrophomonas; s_Syntrophomonas_palmitatica
ASV_3622	0.004771	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Negativicutes; o_Selenomonadales; f_Sporomusaceae; g_Sporomusa; s_Sporomusa_malonica
ASV_23028	0.004755	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Bacteroidales; f_Salinivirgaceae; g_Salinivirga; s_Salinivirga_cyanobacteriivorans
ASV_17407	-0.00467	k_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Alphaproteobacteria; o_Hyphomicrobiales; f_Nitrobacteraceae; g_Bradyrhizobium; s_Bradyrhizobium_murdochi
ASV_8532	0.004499	Unassigned
ASV_6162	-0.00443	k_Bacteria; p_Acidobacteria; c_Thermoanaerobaculia; o_Thermoanaerobaculales; f_Thermoanaerobaculaceae; g_Thermoanaerobaculum; s_Thermoanaerobaculum_aquaticum
ASV_5306	-0.00435	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Clostridiaceae; g_Clostridium; s_Clostridium_saccharoperbutylacetonicum
ASV_2169	0.004237	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Eubacteriales Family XIII. Incertae Sedis; g_Bacilliculturomica; s_Bacilliculturomica_massiliensis
ASV_5449	-0.00417	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Clostridiaceae; g_Clostridium; s_Clostridium_punense
ASV_13552	-0.00414	k_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia; o_Marinilabiliales; f_Prolixibacteraceae; g_Puteibacter; s_Puteibacter_caeruleilacunae
ASV_15346	-0.00383	k_Bacteria; p_Ignavibacteriae; c_Ignavibacteria; o_Ignavibacteriales; f_Ignavibacteriaceae; g_Ignavibacterium; s_Ignavibacterium_album JCM 16511
ASV_12446	-0.00375	k_Bacteria; p_Planctomycetota; c_Planctomycetia; o_Pirellulales; f_Pirellulaceae; g_Rubripirellula; s_Rubripirellula_lacrimiformis
ASV_577	-0.00348	k_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia; o_Eubacteriales; f_Clostridiaceae; g_Clostridium; s_Clostridium_drakei

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

Features	Importances	菌名
ASV_8468	-0.00343	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Selenomonadales; f__Sporomusaceae; g__Propionispora; s__Propionispora_hippeii
ASV_11529	-0.00321	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Rhodocyclales; f__Azonoxaceae; g__Dechloromonas; s__Dechloromonas_agitata
ASV_21549	0.003018	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Ornatilinea; s__Ornatilinea_apprima
ASV_11872	-0.00286	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfosalsimonadaceae; g__Desulfonatronobacter; s__Desulfonatronobacter_acidivorans
ASV_16457	-0.00278	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Syntrophus; s__Syntrophus_aciditrophicus
ASV_2984	0.002723	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Alistipes; s__Alistipes_putredinis
ASV_7575	-0.00247	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Rhodobacterales; f__Roseobacteraceae; g__Sinisalibacter; s__Sinisalibacter_lacisalsi
ASV_12736	-0.00247	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Burkholderiales; g__Thiobacter; s__Thiobacter_subterraneus
ASV_8109	0.002405	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Rhodobacterales; f__Rhodobacteraceae; g__Thermohalobaculum; s__Thermohalobaculum_xanthum
ASV_1477	0.00235	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Rectinemataceae; g__Rectinema; s__Rectinema_cohabitans
ASV_14557	-0.00216	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Syntrophotaleaceae; g__Syntrophotalea; s__Syntrophotalea_acetylenivorans
ASV_2637	0.002124	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_17425	0.001944	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Thiobacillaceae; g__Parasulfuritortus; s__Parasulfuritortus_cantonensis
ASV_13793	-0.00188	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Tannerellaceae; g__Parabacteroides; s__Parabacteroides_chartae
ASV_1154	-0.00182	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Acidiferrobacterales; f__Acidiferrobacteraceae; g__Sulfuricaulis; s__Sulfuricaulis_limicola
ASV_4380	0.001793	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_disporicum
ASV_20478	0.001521	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Tannerellaceae; g__Parabacteroides; s__Parabacteroides_chartae
ASV_19031	-0.00149	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Paludibacteraceae; g__Paludibacter; s__Paludibacter_propionicipigenes WB4
ASV_2695	0.001405	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Tissierellia; o__Tissierellia; f__Tissierellia; g__Sedimentibacter; s__Sedimentibacter_acidaminivorans
ASV_6269	0.001371	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Christensenellaceae; g__Christensenella; s__Christensenella_minuta
ASV_3998	-0.00126	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Christensenellaceae; g__Christensenella; s__Christensenella_hongkongensis
ASV_22039	0.001217	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Proteiniclasticum; s__Proteiniclasticum_ruminis DSM 24773
ASV_15745	-0.0012	Unassigned
ASV_3988	0.001147	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_felsineum
ASV_4949	-0.00094	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Methyloversatilis; s__Methyloversatilis_discipulorum
ASV_643	0.000935	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_jeddahitimonense
ASV_2588	0.000833	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Leptolinea; s__Leptolinea_tardivitalis
ASV_11784	-0.0008	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Desulfomonile; s__Desulfomonile_limimaris
ASV_6471	-0.00078	Unassigned
ASV_7184	-0.00074	k__Bacteria; p__Ignavibacteriae; c__Ignavibacteria; o__Ignavibacteriales; f__Ignavibacteriaceae; g__Ignavibacterium; s__Ignavibacterium_album JCM 16511
ASV_13565	0.000716	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g__Fusibacter; s__Fusibacter_tunisiensis
ASV_5964	-0.00055	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilibiales; f__Prolixibacteraceae; g__Meniscus; s__Meniscus_glaucopis
ASV_4376	0.000461	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Christensenellaceae; g__Guopingia; s__Guopingia_tenuis
ASV_23610	-0.00043	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Ruminiclostridium; s__Ruminiclostridium_cellobioparum subsp. termitidis
ASV_17112	-0.00033	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Spirochaetaceae; g__Sediminispirochaeta; s__Sediminispirochaeta_smaragdinae DSM 11293
ASV_2611	0.000315	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophorhabdales; f__Syntrophorhabdaceae; g__Syntrophorhabdus; s__Syntrophorhabdus_aromaticivorans UI
ASV_5071	0.000265	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Porphyromonadaceae; g__Macellibacteroides; s__Macellibacteroides_fermentans
ASV_22501	0.000264	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g__Fusibacter; s__Fusibacter_fontis

Features	Importances	菌名
ASV_23032	-0.00025	Unassigned
ASV_4334	0.000201	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Hyphomicrobiales; f__Bartonellaceae; g__Bartonella; s__Bartonella_apis
ASV_15251	-0.00019	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_jeddahitimonense
ASV_10366	0.000158	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Caldilineae; o__Caldilineales; f__Caldilineaceae; g__Litorilinea; s__Litorilinea_aerophila
ASV_2574	0.000135	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Smithellaceae; g__Smithella; s__Smithella_propionica
ASV_16331	-0.00011	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_disporicum
ASV_22748	0.000106	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Syntrophotaleaceae; g__Syntrophotalea; s__Syntrophotalea_carbinolica DSM 2380
ASV_22025	9.82E-05	k__Bacteria; p__Fusobacteria; c__Fusobacteriia; o__Fusobacteriales; f__Fusobacteriaceae; g__Cetobacterium; s__Cetobacterium_somerae
ASV_1829	8.69E-05	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Rectinemataceae; g__Rectinema; s__Rectinema_cohabitans
ASV_10735	4.64E-05	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriaceae; g__Acetobacterium; s__Acetobacterium_woodii DSM 1030
ASV_1863	4.04E-05	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Marinilabiaceae; g__Natronoflexus; s__Natronoflexus_pectinivorans
ASV_15817	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Peptostreptococcaceae; g__Terrisporobacter; s__Terrisporobacter_mayombe
ASV_15902	0	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__Bacteroides_luti
ASV_15818	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Acidiferrobacterales; f__Acidiferrobacteraceae; g__Sulfuricaulis; s__Sulfuricaulis_limicola
ASV_15816	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_sulfurreducens subsp. ethanolicus
ASV_15906	0	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__Bacteroides_graminisolvens
ASV_15901	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Acetivibrio; s__Acetivibrio_straminisolvens
ASV_15822	0	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Rubrobacteria; o__Gaiellales; f__Gaiellaceae; g__Gaiella; s__Gaiella_occulta
ASV_15900	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Comamonadaceae; g__Hydrogenophaga; s__Hydrogenophaga_atypica
ASV_15821	0	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Lentimicrobiaceae; g__Lentimicrobium; s__Lentimicrobium_saccharophilum
ASV_15820	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Peptostreptococcaceae; g__Terrisporobacter; s__Terrisporobacter_mayombe
ASV_15819	0	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Thermomarinilinea; s__Thermomarinilinea_lacunifontana
ASV_15903	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g__Fusibacter; s__Fusibacter_tunisiensis
ASV_15809	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Lactobacillales; f__Lactobacillaceae; g__Lactobacillus; s__Lactobacillus_johnsonii
ASV_15904	0	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Marinilabiaceae; g__Alkalitalea; s__Alkalitalea_saponilacus
ASV_15811	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Alcaligenaceae; g__Dexia; s__Dexia_gummosa
ASV_15828	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Syntrophus; s__Syntrophus_gentianae
ASV_15829	0	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Mariniphaga; s__Mariniphaga_sediminis
ASV_15826	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Acetivibrio; s__Acetivibrio_alkalicellulosi
ASV_15830	0	Unassigned
ASV_15813	0	Unassigned
ASV_15831	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Desulfomonile; s__Desulfomonile_limimaris
ASV_15812	0	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Marinilabiaceae; g__Alkaliflexus; s__Alkaliflexus_imshenetskii
ASV_15810	0	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Lentimicrobiaceae; g__Lentimicrobium; s__Lentimicrobium_saccharophilum
ASV_15833	0	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Bellilinea; s__Bellilinea_caldifistulae
ASV_15825	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Desulfobacca; s__Desulfobacca_acetoxidans DSM 11109
ASV_15832	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfosarcina; s__Desulfosarcina_alkanivorans
ASV_15814	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_cavendishii DSM 21758

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

Features	Importances	菌名
ASV_15824	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_ihumii AP5
ASV_15823	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geoalkalibacter; s__Geoalkalibacter_ferrihydriticus
ASV_15827	0	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Gemmatales; f__Gemmataceae; g__Fimbriiglobus; s__Fimbriiglobus_ruber
ASV_15815	0	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Lacipirellulaceae; g__Adhaeretur; s__Adhaeretur_mobilis
ASV_15905	0	Unassigned
ASV_15881	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_disporicum
ASV_15834	0	Unassigned
ASV_15888	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Oscillibacter; s__Oscillibacter_valericigenes
ASV_15862	0	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Prolixibacter; s__Prolixibacter_denitrificans
ASV_15892	0	k__Bacteria; p__Verrucomicrobia; c__Verrucomicrobiae; o__Verrucomicrobiales; f__Verrucomicrobia subdivision 3; g__Limisphaera; s__Limisphaera_ngatamarikiensis
ASV_15891	0	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Aggregatilineales; f__Aggregatilineaceae; g__Aggregatilinea; s__Aggregatilinea_lenta
ASV_15863	0	k__Bacteria; p__Kiritimatiellaeota; c__Kiritimatiellae; o__Kiritimatiellales; f__Kiritimatiellaceae; g__Kiritimatiella; s__Kiritimatiella_glycovorans
ASV_15864	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_culturomicum
ASV_15865	0	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Pirellulaceae; g__Lignipirellula; s__Lignipirellula_cremea
ASV_15890	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Chromatiaceae; g__Rheinheimera; s__Rheinheimera_aquimaris
ASV_15866	0	Unassigned
ASV_15889	0	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_beijerinckii
ASV_15867	0	k__Bacteria; p__Fusobacteria; c__Fusobacteriia; o__Fusobacteriales; f__Fusobacteriaceae; g__Ilyobacter; s__Ilyobacter_tartaricus
ASV_15868	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Aeromonadales; f__Aeromonadaceae; g__Tolumonas; s__Tolumonas_oonensis
ASV_15869	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Sulfurospirillaceae; g__Sulfurospirillum; s__Sulfurospirillum_cavolei
ASV_15870	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Sulfurospirillaceae; g__Sulfurospirillum; s__Sulfurospirillum_cavolei
ASV_15871	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Sulfurospirillaceae; g__Sulfurospirillum; s__Sulfurospirillum_cavolei
ASV_15887	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfocastanea; s__Desulfocastanea_catecholica
ASV_15835	0	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Denitratisoma; s__Denitratisoma_oestradiolicum

添加組之 TOP 250 ASVs

Features	Importances	菌名
ASV_6688	-0.10009	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Lentimicrobiaceae; g__Lentimicrobium; s__Lentimicrobium_saccharophilum
ASV_5338	-0.09299	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Rhodocyclales; f__Zoogloeaceae; g__Zoogloea; s__Zoogloea_ramigera
ASV_733	-0.08327	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Bacillales; f__Bacillaceae; g__Bacillus; s__Bacillus_spizizenii
ASV_8004	0.070999	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Thermoguttaceae; g__Thermostilla; s__Thermostilla_marina
ASV_2261	0.069826	Unassigned
ASV_14649	0.069181	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Burkholderiales; g__Thiobacter; s__Thiobacter_subterraneus
ASV_10995	-0.06811	k__Bacteria; p__Verrucomicrobia; c__Verrucomicrobiae; o__Verrucomicrobiales; f__Verrucomicrobia subdivision 3; g__Limisphaera; s__Limisphaera_ngatamarikiensis
ASV_9950	-0.06654	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Bacillales; f__Bacillaceae; g__Priestia; s__Priestia_koreensis
ASV_5494	-0.06624	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Chitinophagia; o__Chitinophagales; f__Chitinophagaceae; g__Terrimonas; s__Terrimonas_soli
ASV_4098	-0.06601	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Arcobacteraceae; g__Arcobacter; s__Arcobacter_acticola
ASV_13830	-0.06439	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales Family XII. Incertae Sedis; g__Fusibacter; s__Fusibacter_paucivorans
ASV_6305	-0.06019	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Thiovulaceae; g__Sulfurimonas; s__Sulfurimonas_crateris
ASV_2181	-0.05674	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Thiovulaceae; g__Sulfurimonas; s__Sulfurimonas_crateris
ASV_4475	0.056589	k__Bacteria; p__Tenericutes; c__Mollicutes; o__Entomoplasmatales; f__Spiroplasmataceae; g__Spiroplasma; s__Spiroplasma_eriocheiris CCTCC M 207170
ASV_12503	0.053648	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales; g__Intestinimonas; s__Intestinimonas_timonensis
ASV_4812	0.053012	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Ornatilinea; s__Ornatilinea_apprima
ASV_12467	0.052638	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Deltaproteobacteria; f__Deltaproteobacteria; g__Dissulfurimicrobium; s__Dissulfurimicrobium_hydrothermale
ASV_16809	-0.05259	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geothermobacter; s__Geothermobacter_hydrogeniphilus
ASV_271	-0.05228	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Peptostreptococcaceae; g__Paeniclostridium; s__Paeniclostridium_[Eubacterium] tenue
ASV_1720	0.051494	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Coriobacteriia; o__Eggerthellales; f__Eggerthellaceae; g__Raoultibacter; s__Raoultibacter_timonensis
ASV_2845	0.048886	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_argillaceus
ASV_1673	-0.04749	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiliales; f__Prolixibacteraceae; g__Puteibacter; s__Puteibacter_caeruleilacunae
ASV_5036	-0.04704	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfogranum; s__Desulfogranum_aggregans
ASV_2497	0.046991	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Sulfurisoma; s__Sulfurisoma_sediminicola
ASV_12924	-0.04658	Unassigned
ASV_3603	0.045665	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Rubrobacteria; o__Gaiellales; f__Gaiellaceae; g__Gaiella; s__Gaiella_occulta
ASV_1571	0.044934	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__Bacteroides_sedimenti
ASV_766	0.044611	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_merdae
ASV_6739	0.043008	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Sphingobacteriia; o__Sphingobacteriales; f__Sphingobacteriaceae; g__Pedobacter; s__Pedobacter_mongoliensis
ASV_2960	0.04188	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Sulfurisoma; s__Sulfurisoma_sediminicola
ASV_1092	0.039908	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Acetivibrio; s__Acetivibrio_cellulolyticus
ASV_404	0.038738	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfovibrionales; f__Desulfomicrobiaceae; g__Desulfomicrobium; s__Desulfomicrobium_norvegicum
ASV_307	-0.03759	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_beijerinckii
ASV_232	0.036778	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Longilinea; s__Longilinea_arvoryzae
ASV_19	0.035954	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Lawsonibacter; s__Lawsonibacter_asaccharolyticus
ASV_159	0.035801	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_benzoatilyticus

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

Features	Importances	菌名
ASV_242	0.035366	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Selenomonadales; f__Sporomusaceae; g__Sporomusa; s__Sporomusa_malonica
ASV_3198	0.034735	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_13913	-0.03438	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriaceae; g__Acetobacterium; s__Acetobacterium_fimatarium
ASV_10316	-0.03367	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Dysosmobacter; s__Dysosmobacter_acutus
ASV_1790	-0.03296	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Sunxiuqinia; s__Sunxiuqinia_indica
ASV_9778	0.032882	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Peptococcaceae; g__Dehalobacterium; s__Dehalobacterium_formicoaceticum
ASV_328	-0.03149	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_beijerinckii
ASV_8968	0.030393	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Sulfurisoma; s__Sulfurisoma_sediminicola
ASV_6571	0.029831	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfobulbus; s__Desulfobulbus_rhabdiformis
ASV_10164	-0.02961	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Phycisphaerae; o__Sedimentisphaerales; f__Anaerohalosphaeraeae; g__Anaerohalosphaera; s__Anaerohalosphaera_lusitana
ASV_6344	0.029449	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__Longimicrobia; o__Longimicrobiales; f__Longimicrobiaceae; g__Longimicrobium; s__Longimicrobium_terrae
ASV_17114	0.029398	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Citri fermentans; s__Citri fermentans_pelophilum
ASV_5800	0.029235	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Bellilinea; s__Bellilinea_caldifistulae
ASV_14879	-0.02881	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Gemmatales; f__Gemmataceae; g__Fimbrioglobus; s__Fimbrioglobus_ruber
ASV_8372	0.028464	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Bacillales; f__Bacillaceae; g__Bacillus; s__Bacillus_pumilus
ASV_282	-0.02839	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacterales; f__Sulfurovaceae; g__Sulfurovum; s__Sulfurovum_denitrificans
ASV_4643	-0.02734	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Caldilineae; o__Caldilineales; f__Caldilineaceae; g__Caldilinea; s__Caldilinea_aerophila DSM 14535 = NBRC 104270
ASV_15012	-0.027	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Tepidibaculum; s__Tepidibaculum_saccharolyticum
ASV_95	-0.02688	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacterales; f__Thiovulaceae; g__Sulfuricurvum; s__Sulfuricurvum_kujiense
ASV_3284	0.02655	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Sulfurisoma; s__Sulfurisoma_sediminicola
ASV_2896	-0.02535	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfatitalea; s__Desulfatitalea_tepidiphila
ASV_3487	-0.02519	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Spirochaetaceae; g__Sediminispirochaeta; s__Sediminispirochaeta_bajacaliforniensis
ASV_3873	-0.0246	Unassigned
ASV_18208	-0.02446	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Oxalobacteraceae; g__Undibacterium; s__Undibacterium_rivi
ASV_6109	-0.02431	Unassigned
ASV_414	-0.02388	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Nevskiales; f__Steroidobacteraceae; g__Poalibacter; s__Poalibacter_uvarum
ASV_2496	-0.02309	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Sunxiuqinia; s__Sunxiuqinia_rutila
ASV_4481	-0.02205	k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Acidobacteriia; o__Acidobacteriales; f__Acidobacteriaceae; g__Edaphobacter; s__Edaphobacter_bradius
ASV_6655	-0.02193	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Planctomycetales; f__Planctomycetaceae; g__Gimesia; s__Gimesia_benthica
ASV_8613	-0.02157	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Tepidibaculum; s__Tepidibaculum_saccharolyticum
ASV_5345	-0.02099	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacterales; f__Sulfurovaceae; g__Sulfurovum; s__Sulfurovum_indicum
ASV_18736	0.020241	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophobacterales; f__Syntrophobacteraceae; g__Syntrophobacterium; s__Syntrophobacterium_sulfatireducens
ASV_22395	-0.02017	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Methyloversatilis; s__Methyloversatilis_discipulorum
ASV_11046	-0.02014	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Desulfuromonadaceae; g__Desulfuromonas; s__Desulfuromonas_carbonis
ASV_5762	-0.01976	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales; g__Intestinimonas; s__Intestinimonas_butyriciproducens
ASV_8962	0.019325	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_palmitatica
ASV_5819	0.019045	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Alcaligenaceae; g__Dexia; s__Dexia_gummosa
ASV_16677	-0.01901	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophobacterales; f__Syntrophobacteraceae; g__Syntrophobacterium; s__Syntrophobacterium_sulfatireducens

Features	Importances	菌名
ASV_1919	0.018529	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Saccharofermentans; s__Saccharofermentans_acetigenes
ASV_22	0.018513	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__Bacteroides_luti
ASV_162	0.018473	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Tissierellia; o__Tissierellia; f__Tissierellia; g__Sedimentibacter; s__Sedimentibacter_saalensis
ASV_21828	0.018418	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Sulfurovaceae; g__Sulfurovum; s__Sulfurovum_denitrificans
ASV_16631	0.018248	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Desulfuromonadaceae; g__Desulfuromonas; s__Desulfuromonas_carbonis
ASV_7453	-0.01814	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Ectothiorhodospiraceae; g__Acidihalobacter; s__Acidihalobacter_prospereus
ASV_4994	-0.01812	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Comamonadaceae; g__Hydrogenophaga; s__Hydrogenophaga_atypica
ASV_3405	-0.01771	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Acidaminococcales; f__Acidaminococcaceae; g__Phascolarctobacterium; s__Phascolarctobacterium_succinatutens
ASV_8183	0.017491	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Phycisphaerae; o__Tepidisphaerales; f__Tepidisphaeraceae; g__Tepidisphaera; s__Tepidisphaera_mucosa
ASV_16901	-0.01721	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Caulobacteriales; f__Caulobacteraceae; g__Phenylobacterium; s__Phenylobacterium_composti DSM 19425
ASV_7432	0.017179	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Acidimicrobiia; o__Acidimicrobiales; f__Iamiaceae; g__Rhabdothermincola; s__Rhabdothermincola_salaria
ASV_143	0.017092	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Tissierellia; o__Tissierellia; f__Tissierellia; g__Sedimentibacter; s__Sedimentibacter_saalensis
ASV_11223	-0.01707	Unassigned
ASV_16799	-0.01651	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Mucinivorans; s__Mucinivorans_hirudinis
ASV_9061	0.016412	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_6500	-0.01577	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Levilinea; s__Levilinea_saccharolytica
ASV_3316	-0.015	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales Family XIII. Incertae Sedis; g__Sinanaerobacter; s__Sinanaerobacter_chloroacetimidivorans
ASV_2485	-0.01493	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Thiobacillaceae; g__Parasulfuritortus; s__Parasulfuritortus_cantonensis
ASV_7005	-0.01493	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Desulfobacca; s__Desulfobacca_acetoxidans DSM 11109
ASV_5860	0.014813	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Leptolinea; s__Leptolinea_tardivitalis
ASV_9971	0.014401	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Dehalococcoidia; o__Dehalococcoidales; f__Dehalococcoidaceae; g__Dehalococcoides; s__Dehalococcoides_mccartyi 195
ASV_6654	-0.01432	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Lachnospiraceae; g__Anaerotaenia; s__Anaerotaenia_torta
ASV_1736	0.014315	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_7183	0.01357	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfobulbus; s__Desulfobulbus_propionicus DSM 2032
ASV_8281	-0.01335	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Longilinea; s__Longilinea_arvoryzae
ASV_3256	-0.01331	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Thiovulaceae; g__Sulfuricurvum; s__Sulfuricurvum_kujiense
ASV_8714	-0.01315	Unassigned
ASV_1756	0.013088	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Tenuifilaceae; g__Perlabentimonas; s__Perlabentimonas_gracilis
ASV_10089	0.01298	Unassigned
ASV_299	0.01299	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Prolixibacter; s__Prolixibacter_denitrificans
ASV_22671	-0.01296	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Erysipelotrichia; o__Erysipelotrichales; f__Erysipelotrichaceae; g__Breznakia; s__Breznakia_pachnodae
ASV_14079	0.012884	Unassigned
ASV_563	-0.01287	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobacteraceae; g__Algorimarina; s__Algorimarina_butyrica
ASV_3626	0.012809	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Longilinea; s__Longilinea_arvoryzae
ASV_12680	-0.0128	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Lachnospiraceae; g__Anaerocolumna; s__Anaerocolumna_sedimenticola
ASV_7030	0.012658	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfocapsaceae; g__Desulfotalea; s__Desulfotalea_arctica

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

Features	Importances	菌名
ASV_9626	0.012082	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Nevskiales; f__Steroidobacteraceae; g__Poalibacter; s__Poalibacter_uvarum
ASV_436	-0.01201	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Marinilabiaceae; g__Alkalitalea; s__Alkalitalea_saponilacus
ASV_9138	-0.0119	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Nevskiales; f__Steroidobacteraceae; g__Poalibacter; s__Poalibacter_uvarum
ASV_15641	-0.01171	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Dehalococcoidia; o__Dehalococcoidales; f__Dehalococcoidaceae; g__Dehalococcoides; s__Dehalococcoides_mccartyi 195
ASV_11827	-0.01163	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Oscillibacter; s__Oscillibacter_valericigenes
ASV_6372	-0.01153	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Nevskiales; f__Steroidobacteraceae; g__Steroidobacter; s__Steroidobacter_agariperforans
ASV_15326	-0.01152	Unassigned
ASV_62	-0.01117	k__Bacteria; p__Fusobacteria; c__Fusobacteriia; o__Fusobacteriales; f__Fusobacteriaceae; g__Fusobacterium; s__Fusobacterium_mortiferum
ASV_7967	-0.01104	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Thermoleophilia; o__Miltoncostaeales; f__Miltoncostaeaceae; g__Miltoncostaea; s__Miltoncostaea_oceani
ASV_3757	0.011037	k__Bacteria; p__Tenericutes; c__Mollicutes; o__Acholeplasmatales; f__Acholeplasmataceae; g__Paracholeplasma; s__Paracholeplasma_morum
ASV_7883	-0.01092	k__Bacteria; p__Verrucomicrobia; c__Verrucomicrobiae; o__Verrucomicrobiales; f__Verrucomicrobia subdivision 3; g__Limisphaera; s__Limisphaera_ngatamarikiensis
ASV_20669	0.010575	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Thermomarinilinea; s__Thermomarinilinea_lacunifontana
ASV_15794	0.010424	Unassigned
ASV_5399	-0.01017	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Christensenellaceae; g__Guopingia; s__Guopingia_tenuis
ASV_8113	0.010144	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Desulfuromonadaceae; g__Desulfuromonas; s__Desulfuromonas_michiganensis
ASV_341	-0.01006	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Epsilonproteobacteria; o__Campylobacteriales; f__Sulfurovaceae; g__Sulfurovum; s__Sulfurovum_indicum
ASV_2730	-0.01002	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Marinilabiaceae; g__Breznakibacter; s__Breznakibacter_xylanolyticus
ASV_4402	-0.00998	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Methylococcales; f__Methylococcaceae; g__Methylomicrobium; s__Methylomicrobium_lacus
ASV_4346	-0.00973	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__Gemmatimonadetes; o__Gemmatimonadales; f__Gemmatimonadaceae; g__Gemmatimonas; s__Gemmatimonas_aurantiaca T-27
ASV_6049	0.009682	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Leptolinea; s__Leptolinea_tardivitalis
ASV_14789	-0.00937	k__Bacteria; p__Cyanobacteria; c__Cyanobacteria; o__Nostocales; f__Cyanomargaritaceae; g__Cyanomargarita; s__Cyanomargarita_melechinii
ASV_10300	0.009322	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Sphingobacteriia; o__Sphingobacteriales; f__Sphingobacteriaceae; g__Solitalea; s__Solitalea_koreensis
ASV_5920	0.009026	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Nevskiales; f__Steroidobacteraceae; g__Steroidobacter; s__Steroidobacter_agaridevorans
ASV_9684	0.008884	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_9612	-0.00887	k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Vicinamibacteria; o__Vicinamibacteriales; f__Vicinamibacteriaceae; g__Luteitalea; s__Luteitalea_pratensis
ASV_14482	0.008633	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Syntrophotaleaceae; g__Syntrophotalea; s__Syntrophotalea_acetylenica
ASV_129	0.008495	k__Bacteria; p__Synergistetes; c__Synergistia; o__Synergistales; f__Synergistaceae; g__Thermovirga; s__Thermovirga_lienii
ASV_1400	-0.00836	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales; g__Intestinimonas; s__Intestinimonas_timonensis
ASV_4780	0.007985	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Longilinea; s__Longilinea_arvoryzae
ASV_12556	0.007578	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_metallireducens
ASV_7510	0.007506	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Leptospirales; f__Leptospiraceae; g__Leptospira; s__Leptospira_ryugenii
ASV_4408	0.00745	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfobulbus; s__Desulfobulbus_propionicus DSM 2032
ASV_4789	0.007331	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_3022	0.007276	Unassigned
ASV_5769	0.007049	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_palmitatica

Features	Importances	菌名
ASV_4290	-0.00701	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfovibrionales; f__Desulfomicrobiaceae; g__Desulfomicrobium; s__Desulfomicrobium_norvegicum
ASV_2232	0.006931	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Coriobacteriia; o__Eggerthellales; f__Eggerthellaceae; g__Raoultibacter; s__Raoultibacter_timonensis
ASV_672	0.00678	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_benzoatilyticus
ASV_7807	-0.00668	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Prolixibacter; s__Prolixibacter_denitrificans
ASV_6702	-0.00649	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Oscillibacter; s__Oscillibacter_valericigenes
ASV_3561	-0.00649	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Neisseriales; f__Chromobacteriaceae; g__Vogesella; s__Vogesella_amnigena
ASV_275	0.006381	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_14417	0.006376	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfosalsimonadaceae; g__Desulfonatronobacter; s__Desulfonatronobacter_acidivorans
ASV_13898	-0.00629	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_pascui
ASV_12008	0.00626	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_saccharobutylicum
ASV_5588	-0.00624	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_tarantellae
ASV_6251	0.00622	Unassigned
ASV_8272	-0.00612	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Christensenellaceae; g__Guopingia; s__Guopingia_tenuis
ASV_12489	0.006071	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__Bacteroides_luti
ASV_10027	0.005942	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Lacipirellulaceae; g__Pirellulimonas; s__Pirellulimonas_nuda
ASV_4963	0.005881	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Dehalococcoidia; o__Dehalococcoidales; f__Dehalococcoidaceae; g__Dehalococcoides; s__Dehalococcoides_mccartyi 195
ASV_4700	0.005771	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Desulfitobacteriaceae; g__Desulfosporosinus; s__Desulfosporosinus_fructosivorans
ASV_887	0.005262	k__Bacteria; p__Lentisphaerae; c__Lentisphaeria; o__Victivallales; f__Victivallaceae; g__Victivallis; s__Victivallis_lenta
ASV_5507	-0.0052	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_curvata
ASV_12286	0.005056	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Spirochaetales; f__Rectinemataceae; g__Rectinema; s__Rectinema_cohabitans
ASV_10932	0.005048	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__Longimicrobia; o__Longimicrobiales; f__Longimicrobiaceae; g__Longimicrobium; s__Longimicrobium_terrae
ASV_2525	-0.00505	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacterales; f__Desulfocapsaceae; g__Desulfosediminicola; s__Desulfosediminicola_flagellatus
ASV_2364	-0.00504	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Chromatiales; g__Thiohalobacter; s__Thiohalobacter_thiocyanaticus
ASV_1848	0.005015	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Desulfobacca; s__Desulfobacca_acetoxidans DSM 11109
ASV_5468	0.004983	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_11365	-0.00479	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Planctomycetales; f__Planctomycetaceae; g__Planctopirus; s__Planctopirus_ephydatiae
ASV_158	0.004766	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Tissierellia; o__Tissierellia; f__Tissierellia; g__Sedimentibacter; s__Sedimentibacter_saalensis
ASV_6290	0.004745	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Syntrophus; s__Syntrophus_aciditrophicus
ASV_5583	0.004698	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Acetivibrio; s__Acetivibrio_cellulolyticus
ASV_11078	0.004582	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Lacipirellulaceae; g__Posidoniimonas; s__Posidoniimonas_corsicana
ASV_13655	0.004578	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Leptospirales; f__Leptospiraceae; g__Leptospira; s__Leptospira_ryugenii
ASV_4359	-0.0044	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophobacterales; f__Syntrophobacteraceae; g__Syntrophobacter; s__Syntrophobacter_fumaroxidans MPOB
ASV_8134	0.004396	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Thermoleophilia; o__Miltoncostaeales; f__Miltoncostaeaceae; g__Miltoncostaea; s__Miltoncostaea_oceani
ASV_23531	-0.00421	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Erysipelotrichia; o__Erysipelotrichales; f__Erysipelotrichaceae; g__Breznakia; s__Breznakia_pachnodae
ASV_11540	-0.00407	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Sporobacter; s__Sporobacter_terminidis
ASV_20695	0.004029	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Nevskiales; f__Steroidobacteraceae; g__Steroidobacter; s__Steroidobacter_gossypii

南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

Features	Importances	菌名
ASV_3018	0.004005	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Thermosediminibacterales; f__Thermosediminibacteraceae; g__Fervidicola; s__Fervidicola_ferrireducens
ASV_1269	-0.00398	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfosarcina; s__Desulfosarcina_widdelii
ASV_14578	-0.00395	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Anaerolineales; f__Anaerolineaceae; g__Thermomarinilinea; s__Thermomarinilinea_lacunifontana
ASV_84	-0.00383	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Burkholderiaceae; g__Zeimonas; s__Zeimonas_arvi
ASV_12555	0.003749	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Acidimicrobiia; o__Acidimicrobiales; f__Iamiaceae; g__Rhabdotherrmincola; s__Rhabdotherrmincola_salaria
ASV_350	0.00364	k__Bacteria; p__Spirochaetes; c__Spirochaetia; o__Leptospirales; f__Leptospiraceae; g__Leptospira; s__Leptospira_ryugenii
ASV_5398	-0.00362	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriales Family XIII. Incertae Sedis; g__Sinanaerobacter; s__Sinanaerobacter_chloroacetimidivorans
ASV_22013	-0.00361	k__Bacteria; p__Synergistetes; c__Synergistia; o__Synergistales; f__Synergistaceae; g__Cloacibacillus; s__Cloacibacillus_porcorum
ASV_11916	0.003579	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_6039	0.003396	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Nitrosomonadaceae; g__Nitrosospira; s__Nitrosospira_lacus
ASV_15536	0.003243	k__Bacteria; p__Nitrospinae; c__Nitrospina; o__Nitrospinales; f__Nitrospinae; g__Nitrospina; s__Nitrospina_gracilis 3/211
ASV_11901	0.003014	k__Bacteria; p__Calditrichaeota; c__Calditrichaeota; o__Calditrichaeota; f__Calditrichaeota; g__Calorithrix; s__Calorithrix_insularis
ASV_12904	-0.00299	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Syntrophotaleaceae; g__Syntrophotalea; s__Syntrophotalea_venetiana
ASV_1818	-0.00298	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfatitalea; s__Desulfatitalea_tepidiphila
ASV_21456	-0.00295	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfatirhabdium; s__Desulfatirhabdium_butyrtivorans
ASV_17256	0.002916	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Selenomonadales; f__Sporomusaceae; g__Pelosinus; s__Pelosinus_propionicus DSM 13327
ASV_3833	-0.0029	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfobulbus; s__Desulfobulbus_propionicus DSM 2032
ASV_7187	0.002718	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Anaerolineae; o__Aggregatilineales; f__Aggregatilineaceae; g__Aggregatilinea; s__Aggregatilinea_lenta
ASV_3662	-0.00271	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Burkholderiaceae; g__Zeimonas; s__Zeimonas_arvi
ASV_6	0.002694	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Oscillospiraceae; g__Lawsonibacter; s__Lawsonibacter_asaccharolyticus
ASV_15	0.002572	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Negativicutes; o__Selenomonadales; f__Selenomonadaceae; g__Propionispira; s__Propionispira_arcuata
ASV_6738	-0.00255	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Planctomycetia; o__Pirellulales; f__Thermoguttaceae; g__Thermostilla; s__Thermostilla_marina
ASV_4026	-0.00254	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Rhodospirillales; f__Geminicoccaceae; g__Arboricoccus; s__Arboricoccus_pini
ASV_2389	-0.00242	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Sulfurisoma; s__Sulfurisoma_sediminicola
ASV_2452	0.002418	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobulbaceae; g__Desulfurivibrio; s__Desulfurivibrio_alkaliphilus
ASV_10559	0.002379	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobacteraceae; g__Algorimarina; s__Algorimarina_butyrica
ASV_226	-0.00235	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__Gemmatimonadetes; o__Gemmatimonadales; f__Gemmatimonadaceae; g__Gemmatimonas; s__Gemmatimonas_aurantiaca T-27
ASV_75	0.002227	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfuromonadales; f__Geobacteraceae; g__Geobacter; s__Geobacter_benzoatilyticus
ASV_3123	-0.00221	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Chromatiales; f__Chromatiales; g__Thiohalobacter; s__Thiohalobacter_thiocyanaticus
ASV_13313	0.002166	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Tissierellia; o__Tissierellia; f__Tissierellia; g__Sedimentibacter; s__Sedimentibacter_saalensis
ASV_4939	0.002107	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_drakei
ASV_11392	0.001973	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Anaerocella; s__Anaerocella_delicata
ASV_13638	-0.00194	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Mucinivorans; s__Mucinivorans_hirudinis
ASV_3458	0.001907	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Syntrophomonadaceae; g__Syntrophomonas; s__Syntrophomonas_zehnderi OL-4
ASV_5921	0.001882	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Acetobacteroides; s__Acetobacteroides_hydrogenigenes
ASV_7428	0.001852	k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Viciniabacteria; o__Viciniabacteriales; f__Viciniabacteraceae; g__Viciniabacter; s__Viciniabacter_silvestris

Features	Importances	菌名
ASV_1373	0.001827	k__Bacteria; p__Candidatus Melainabacteria; c__Candidatus Melainabacteria; o__Vampirotvibrionales; f__Vampirotvibrionales; g__Vampirotvibrio; s__Vampirotvibrio_chlorellavorus
ASV_4146	0.00177	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Rikenellaceae; g__Acetobacteroides; s__Acetobacteroides_hydrogenigenes
ASV_16139	-0.00177	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Lachnospiraceae; g__Anaerocolumna; s__Anaerocolumna_cellulosilytica
ASV_4932	-0.00167	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Thermotalea; s__Thermotalea_metallivorans
ASV_122	-0.00156	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Peptostreptococcaceae; g__Romboutsia; s__Romboutsia_timonensis
ASV_2690	-0.00155	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Puteibacter; s__Puteibacter_caeruleilacunae
ASV_3555	-0.00146	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Christensenellaceae; g__Luoshenia; s__Luoshenia_tenuis
ASV_10499	0.001381	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_saudiense
ASV_10286	-0.00136	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophales; f__Syntrophaceae; g__Syntrophus; s__Syntrophus_aciditrophicus
ASV_179	0.001332	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Pseudomonadales; f__Pseudomonadaceae; g__Stutzerimonas; s__Stutzerimonas_stutzeri
ASV_13433	0.001308	k__Bacteria; p__Planctomycetota; c__Phycisphaerae; o__Sedimentisphaerales; f__Anaerohalosphaeraceae; g__Anaerohalosphaera; s__Anaerohalosphaera_lusitana
ASV_8647	0.001298	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Flavobacteriia; o__Flavobacteriales; f__Flavobacteriaceae; g__Nonlabens; s__Nonlabens_xiamenensis
ASV_8317	0.001289	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Rhodospirillales; f__Rhodospirillaceae; g__Hypericibacter; s__Hypericibacter_adhaerens
ASV_17058	-0.00127	k__Bacteria; p__Synergistetes; c__Synergistia; o__Synergistales; f__Synergistaceae; g__Lactivibrio; s__Lactivibrio_alcoholicus
ASV_19728	-0.00124	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfotvibrionales; f__Desulfomicrobiaceae; g__Desulfomicrobium; s__Desulfomicrobium_macestii
ASV_9080	0.001229	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_saudiense
ASV_7268	-0.00122	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfobacter; s__Desulfobacter_postgatei
ASV_21696	-0.00119	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriaceae; g__Acetobacterium; s__Acetobacterium_fimatarium
ASV_298	-0.00119	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Thiobacillaceae; g__Thiobacillus; s__Thiobacillus_thioparus
ASV_9070	0.001168	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Desulfotvibrionaceae; g__Desulfosporosinus; s__Desulfosporosinus_acidiphilus SJ4
ASV_14131	-0.00116	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Hathewayia; s__Hathewayia_massiliensis
ASV_14549	0.001074	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Syntrophobacteriales; f__Syntrophobacteraceae; g__Syntrophobacterium; s__Syntrophobacterium_sulfatireducens
ASV_4045	0.001058	k__Bacteria; p__Acidobacteria; c__Vicinamibacteria; o__Vicinamibacteriales; f__Vicinamibacteraceae; g__Vicinamibacter; s__Vicinamibacter_silvestris
ASV_9262	-0.00105	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Sterolibacteriaceae; g__Georgfuchsia; s__Georgfuchsia_toluolica
ASV_15650	0.000988	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Hyphomicrobiales; f__Aestuariaiivirgaceae; g__Aestuariaiivirga; s__Aestuariaiivirga_litoralis
ASV_16878	0.000952	Unassigned
ASV_5577	0.000948	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Flavobacteriia; o__Flavobacteriales; f__Flavobacteriaceae; g__Flavobacterium; s__Flavobacterium_buctense
ASV_8339	0.000942	k__Bacteria; p__Bacteroidota; c__Bacteroidia; o__Marinilabiales; f__Prolixibacteraceae; g__Aequipluma; s__Aequipluma_nitroreducens
ASV_1052	-0.00085	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Nitrosomonadales; f__Thiobacillaceae; g__Thiobacillus; s__Thiobacillus_sajanensis
ASV_45	0.000798	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Clostridiaceae; g__Clostridium; s__Clostridium_pascui
ASV_5745	-0.00078	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Deltaproteobacteria; o__Desulfobacteriales; f__Desulfobacteraceae; g__Desulfocella; s__Desulfocella_halophila
ASV_15404	-0.00074	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Eubacteriales; f__Eubacteriaceae; g__Alkalibaculum; s__Alkalibaculum_sporogenes
ASV_5354	-0.00068	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Lactobacillales; f__Carnobacteriaceae; g__Trichococcus; s__Trichococcus_pasteurii



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)



附件

附件九 BDE-209 降解菌種



南坎溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)

附件九 BDE-209 降解菌種

Taxon	Status	Source	Concentration	Degradation ability	Reference
<i>Sulfurospirillum multivorans</i>	Isolate	Pure culture	0.1 mg L ⁻¹	100% in 2 months	He et al., 2006
<i>Pseudomonas</i> sp.	Enrichment	River sediment	10 mg L ⁻¹	5% to 12% in 90 days	Qiu et al., 2012,
<i>Actinobacteria</i> <i>Dehalobacter</i> <i>Phycisphaerae</i> <i>Sphingobacteriales</i>					Xu et al., 2012,
<i>Alicyclophilus denitrificans</i> <i>Acidithiobacillus ferrooxidans</i> <i>Bacteroides eggerthii</i> <i>Bowmanella denitrificans</i> <i>Caldisericum exile</i> <i>Chryseobacterium caeni</i> <i>Sulfurovum lithotrophicum</i> <i>Desulfovibrio</i> spp.	Enrichment	Anaerobic sludge	5 mg L ⁻¹	15% in 150 days	Shih et al., 2012
<i>Geobacter</i> spp. <i>Pseudomonas</i> spp. <i>Shewanella</i> spp.	Enrichment	River sediment	1.4 mg L ⁻¹	23.2% to 58.9% in 70 days	Yang et al., 2013
<i>Dehalococcoides</i>	Enrichment	Mangrove constructed wetland	18.77 µg L ⁻¹	-	Wang et al., 2015
<i>Clostridium</i> <i>Desulfosporosinus</i> <i>Lysinibacillus</i> <i>Pseudomonas</i> <i>Rummeliibacillus</i>	Enrichment	BDE-209-adapted sediment	50 µg g ⁻¹	91.7% in 60 days	Yang et al., 2017b

附件九 BDE-209 降解菌種(續)

Taxon	Status	Source	Concentration of BDE-209	Degradation ability	Reference
<i>Clostridium</i> spp. <i>Dehalococcoides</i> sp. <i>Methylophilus</i> spp. <i>Pseudomonas</i> spp. <i>Anaeromyxobacter</i> <i>Bacillus</i> <i>Burkholderia</i> <i>Brevibacillus</i> <i>Clostridium</i> XI <i>Clostridium</i> XIVa <i>Clostridium</i> _ss, <i>Mycobacterium</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Rhodobacter</i> , <i>Sedimentibacter</i> , <i>Shewanella</i>	Enrichment	Organic compost	20 ± 3.96 mg kg ⁻¹	4.7% to 34.9% in 120 days	Chang et al., 2016
<i>Dehalobium chlorocoercia</i> DF-1	Enrichment	Sediment	1000 ng g ⁻¹	From 30.9% to 55.3% in 180 days.	Demirtepe et al., 2019
<i>Dehalococcoides</i> (uncultivated) <i>Dehalogenimonas</i> <i>Dehalobactrer</i>	Enrichment	Sediment	44-313 mg/kg	Not for BDE-209 but the removal of BDE-99, -47 and -100 were 65.6 %, 36.4 %, and 32.6%, respectively;	Xu et al., 2024



附件

附件十 本研究團隊歷年研發之技術差異說明



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)

附件十 本計畫團隊以往所研發之底泥整治技術差異分析

研發技術/描述	適用情形	優點	缺點
奈米乳化液促進微生物降解泥中萘、苯(a)駢芘與PCBs(已獲專利)	1. 適用於有高度PAHs 與PCBs 污染之底泥 2. 底泥之通透性不可太差，黏粒為主底泥恐不適用	1. 施工容易即使底泥中有障礙物也可進行。 2. 不僅有效加強 PCBs 降解，同時提高PAHs 之可及性，也可提高其降解程度	1. 因在底泥中增加有機 BOD 負荷，可能在短時間內造成河道厭氧情況加重。 2. 污染物降解產物之水溶性提高，若未能及時完成清除，恐提高生態風險。
以奈米氧化鐵進行重金屬回收	1. 僅適用於水相中重金屬去除 2. 對砷、鉛、銅與鉻效果較佳	1. 方法簡易。 2. 器具製作簡易。	1. 僅適用於水相。 2. 重金屬去除率過低 (<30%)尚未具實場應用價值
整合奈米氧化鐵與奈米乳化液進行萘、苯(a)駢芘與PCBs 整治	1. 適用於有高度PAHs 與PCBs 污染之底泥 2. 底泥之通透性不可太差，黏粒為主底泥恐不適用	1. 兩種同時添加有助於 PCBs 降解，可能是亞鐵離子與 H_2S 形成 FeS_2 而降低硫化物對細菌之毒害 2. 施工容易即使底泥中有障礙物也可進行。 3. 不僅有效加強 PCBs 降解，同時提高 PAHs 之可及性，也可提高其降解程度	1. 因在底泥中增加有機 BOD 負荷，可能在短時間內造成河道厭氧情況加重。 2. 降解物之水溶性提高，若未能及時完成清除恐有生態風險。

附件十 本計畫團隊以往所研發之底泥整治技術差異分析 (續)

研發技術/描述	適用情形	優點	缺點
奈米氧化鐵與奈米乳化液 重金屬回收	1. 較適用於水相。 2. 適用於在酸性條件下容易解離之重金屬。 3. 乳化液分解酸化有助於重金屬之釋出,但在感潮河段受海水影響具有高離子強度(共同離子效應)與酸鹼中和能力,較不適用。	1. 僅添加乳化液者有助於重金離子之釋出。 2. 添加最高量乳化液與加入較高量奈米氧化鐵者為重金屬回收效率最佳者。 3. 可能因微生物分解乳化液造成微酸性環境有助於重金屬自底泥中釋出。 4. 操作應屬簡易,器具製作也簡易。	1. 僅適用於水相。 2. 重金屬去除率過低,尚未具實場應用價值。 3. 感潮河段恐較不適用。
以高油量乳化直接回收 PBDEs,並以殘餘乳化液促進 微生物降解 PBDEs(已獲專利)	1. 適用於 Log Kow 在 3.0 以上之污染物較佳。 2. 因必須進行攪拌、靜置、分離等步驟,工程程序較複雜,若底泥中混有磚塊、石頭、鋼筋等雜物將難以進行。 3. 黏粒為主之底泥恐不適用。 4. 50%鹽度仍可適用。 5. 中度有機質仍可適用。	1. 分離迅速,針對高 Log Kow 值之污染物,特別適用,且這些污染物多為持久性有機污染物。 2. 可有效提高生物分解效率。	1. 因在底泥中增加有機 BOD 負荷,可能在短時間內造成河道厭氧情況加重。 2. 污染物降解產物之水溶性提高,若未能及時完成清除,恐提高生態風險。

附件十 本計畫團隊以往所研發之底泥整治技術差異分析 (續)

研發技術/描述	適用情形	優點	缺點
以高油量乳化直接回收 phthalates，並以殘餘乳化液促進微生物降解 phthalates(已獲專利)	1. 適用於 DEHP 與 DBP 污染濃度高於 BBP 與 DEP 之底泥。因 Phthalates 非屬氯化有機物，乳化液僅有助於提高其生物可及性，一般而言應以好氧反應較佳，但其中 BBP 與 DEP 則以厭氧或序列式厭氧好氧較佳。因必須進行攪拌、靜置、分離等步驟，工程程序較複雜，若底泥中混有磚塊、石頭、鋼筋等雜物將難以進行。 2. 50%鹽度仍可適用。 3. 中度有機質仍可適用。 4. 黏粒為主之底泥恐不適用。	1. 分離迅速，針對高 Log Kow 值之污染物，特別適用，且這些污染物多為持久性有機污染物。 2. 可有效提高生物分解效率。	1. 因在底泥中增加有機 BOD 負荷，可能在短時間內造成河道厭氧情況加重。 2. 污染物降解產物之水溶性提高，若未能及時完成清除，恐提高生態風險。
底泥玻璃化(已獲專利)	1. 一般砂質之表層底泥。 2. 50%鹽度仍可適用。 3. 底泥中應避免混有磚塊、石頭、鋼筋等雜物，否則將難以進行 4. 現址進行尚須模場試驗確認。	1. 一般表層底泥砂質顆粒較多，適用性高 2. 確認可應用於海水鹽度 50% 之底泥中。	1. 矽酸鹽成分過低(非砂質)，如黏土土質之底泥恐不適合。 2. 基本設施較為複雜，如必須有工業及電磁感應裝置與至少備有或是租用 50KW 之發電機。

附件十 本計畫團隊以往所研發之底泥整治技術差異分析 (續)

研發技術/描述	適用情形	優點	缺點
磁性活性碳去除底泥中重金屬與Aroclor 1254	1. 確認在 2.0 小時之單次操作可去 除 超過 80%之 PCBs。 2. 可去除部分重金屬。	1. 確認在 2.0 小時之單次操作 可去除超過 80%之 PCB。 2. 快速有效。	1. 製作磁性活性碳較費時。 2. 雖然可以再利用，但成本仍可能較高。
污 染 底 泥 之 凝 膠 過 濾 法 (已獲專利)	1. 已經完成疏濬法之址上底泥。 2. 絕大部分污染物為有機污染物且 多 吸附於細顆粒上。	1. 確認可在 30 秒內完成有效分 離。 2. 操作簡單且機具容易製作。	1. 尚須模場試驗進行驗證。 2. 製作凝膠費時且成本可能較高。 3. 對重金屬可能無效。
現地相反轉法與再加蓋處理(已獲專利)	1. 應可適用於大部分之表層底泥，有少 許障礙物仍可施作。 2. 水力傳導係數不宜太低，黏土質底泥 不適用。	1. 工程手段簡易。 2. 操作簡單且機具容易製作。	1. 成本相對低廉。 2. 模場整治試驗尚未完成。

註：以表面增強拉曼散射進行PBDEs 與Phthalates 污染物快速檢測技術(已獲專利)因非屬整治技術，故未列入比較。



附件

附件十一 不同污染物之解決方案及其相關事項



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)

附件十一 不同污染物之解決方案之工程難度、預估經費與時程

污染物類別	適用技術	預計時程	技術成熟度	經費預估
六氯苯、多氯聯苯、Lindane、DDT、多溴二苯醚、戴奧辛等鹵化有機污染物	奈米乳化液促進生物降解	1 至 5 年	TRL8	材料費用約 NT\$2,700/m ³ 機具設備費用另計，大約 NT\$8,100/m ³ 。
	高油量乳化直接回收 PBDEs 及 phthalates，並以殘餘乳化液促進微生物 降解 PBDEs	1 至 2 年	TRL8	材料費用約 NT\$3,000/m ³ 機具設備費用另計，大約 NT\$9,000/m ³ 。
	污染底泥之凝膠過濾法	3 至 6 個月	TRL3	材料費用約 NT\$5,000/m ³ ，整體費用尚無法預估。
	ISPIE/BiRD	3 至 6 個月	TRL8	材料費用約 NT\$1,000/m ³ ，粗估整體費用為 NT\$7,000/ m ³
Phthalates (鄰苯二甲酸酯類)、多環芳香烴類 (如萘與苯(a)駢芘)	高油量乳化直接回收 PBDEs 及 phthalates，並以殘餘乳化液促進微生物 降解 PBDEs	1 至 2 年	TRL8	材料費用約 NT\$3,000/m ³ 機具設備費用另計，大約 NT\$9,000/m ³ 。
	ISPIE/BiRD	3 至 6 個月	TRL8	材料費用約 NT\$1,000/m ³ ，粗估整體費用為 NT\$7,000/m ³

附件十一 不同污染物之解決方案之工程難度、預估經費與時程（續）

污染物類別	適用技術	預計時程	技術成熟度	經費預估
重金屬鉻、銅、鎳、鉛、鋅	電磁感應加熱玻璃化 (砷、鎘、汞因沸點較低不適用)	平均 <1.0 天 (大型加熱設施下)	TRL6	粗估整體費用為 NT\$16,500/m ³
	以廢牡蠣殼及應回收廢玻璃將重金屬污染底泥玻璃化為有價環保多孔材	平均 <1.0 天	TRL6	無須花費(經費為負值)，整體應為獲利，估計每公噸之毛利 100.1-109.3%，收取原料已經賺錢，製造為成品銷售再獲利。
重金屬砷、鎘、鉻、銅、汞、鎳、鉛、鋅	現地奈米氧化鐵進行重金屬回收	預計 3-6 月	TRL3	目前無法預估。
重金屬砷、鎘、汞	磁性活性碳	預計 3-6 月	TRL3	目前無法預估。

註：經費預估均以處理量至少 1000 m³ 為基礎計算。



附件十二 本技術與以往技術之差異說明



(空白頁)



附件十二 本技術與以往技術之差異說明

將過去所有技術及其成本效益列表說明如表 1 所示，本實驗室於 2009 年與瑞昶科技公司合作申請科技部（原行政院國科會）產學合作計畫進行實驗室內之奈米乳化液與奈米氧化鐵之整合式底泥整治技術研發，在實驗室內依據二仁溪之底泥條件自行製作模擬底泥並加入多氯聯苯進行試驗，發現奈米乳化液的確可以有助於 Aroclor 1242 之降解(Chang et al., 2014)，而奈米氧化鐵的確可以相當快速的去除水相中的砷與鉻，其中尤以砷之單位吸附量為文獻中氧化鐵類吸附材中最高者，可達 340 mg/g (Chang et al., 2012b)；本技術於 2011 及 2012 申請土壤及地下水污染整治基金管理會之計畫獲補助後即開始進行現地之污染整治模場試驗，嘗試以奈米乳化液與奈米氧化鐵進行實場整治之模場試驗，結果顯示於試驗期間且最佳條件與開放系統下，140 天內可將重金屬鉛移除約 26%，苯降解 100%，Aroclor 1242 去除率為 91.4%。後來針對 BDE-209 等高 LogK_{ow} 物質進行高油量乳化液後來針對 BDE-209 等高 LogK_{ow} 物質進行高油量乳化液之直接回收技術研發，發現單次操作後來針對 BDE-209 等高 LogK_{ow} 物質進行高油量乳化液之直接回收技術研發，發現單次操作有效回收具有致癌性之 Benzo(a)pyrene (BaP) 達 31.4 至 73.6%，BDE-47 達 53.7 至 76.1%，BDE-99 達 47.5 至 91.4%，BDE-209 達 10.4 至 61.8%；且 BaP 降解最佳者為加入乳化液之組別，其半生期 ($t_{1/2}$) 為 68.6 天，自然回復組則大於 462 天；以微流體晶片進行 BDE-209 快速檢測以實驗室樣品進行檢測之偵測極限可達 90 ppb，線性範圍可達 4 個數量級。其後將此技術應用於塑化劑之回收與降解，第一階段模場試驗結果顯示二仁溪底泥中微生物對 DEHP 之降解能力的確比國際間之試驗結果為佳，其半生期為國際文獻數值之 1/20 至 1/30 之間；第二階段模場試驗則顯示現場風化之 PAEs 以 BBP 最容易回收，以總去除率而言，乳化液與釋氧劑添加之工程干預仍是較佳之方案。表面增強拉曼光譜用奈米金薄膜之方式進行 SERS 檢測之靈敏性與專一性經過 40 樣品測試後均可達 100%，方法偵測極限為 6.67 mg/L，若以萃取液進行檢測，應可達到 0.67 mg/kg 之方法偵測極限。

2015 年則是針對底泥中之重金屬與有機污染物進行磁性活性碳吸附與回收、針對局部高污染成分底泥進行現地玻璃化與針對容易懸浮之微小顆粒底泥則以改良式凝膠過濾法進行去除。三項技術研發均已顯現成效，磁性活性碳經證實對砷及汞重金屬具有良好吸附效果且遵循擬二階動力方程式，添加於底泥後之較佳回收時間為 1 至 4 小時之間，Aroclor 1254 之最佳去除率可達 81.9%。電磁感應加熱玻璃化之重金屬可固定 97.0-100.0%之重金屬，1400°C 下直接玻璃化法經測試三處之底泥均能達到標準，進一步改良添加玻璃砂方法可將溫度進一步降至



1000°C，經測試三處底泥樣品，也均能達到標準。改良之凝膠已可初步分離粒徑不同之底泥顆粒，對 25 μm 以下之顆粒去除率可達 85%，如圖 1。

茲將各項技術之適用情況及其優缺點詳列如附件十所示。由該表可見，本計畫與之前研發技術最大之差異在於利用原理、所需要投入材料、機具與能量相對較低，所需時間較短，且利用非生物整治技術之快速降解但成本較高與生物技術之分解速率較慢但成本較低之特性，在初期以非生物處理方快速降低其較高濃度，較低濃度則交由微生物進行後續降解處理。本技術兼採兩種技術之長，試圖以其最佳之互補形式進行污染場址整治，同時節省時間及節省經費，並且達成污染整治目標（不同污染物之解決方案及其相關事項見附件十一）。

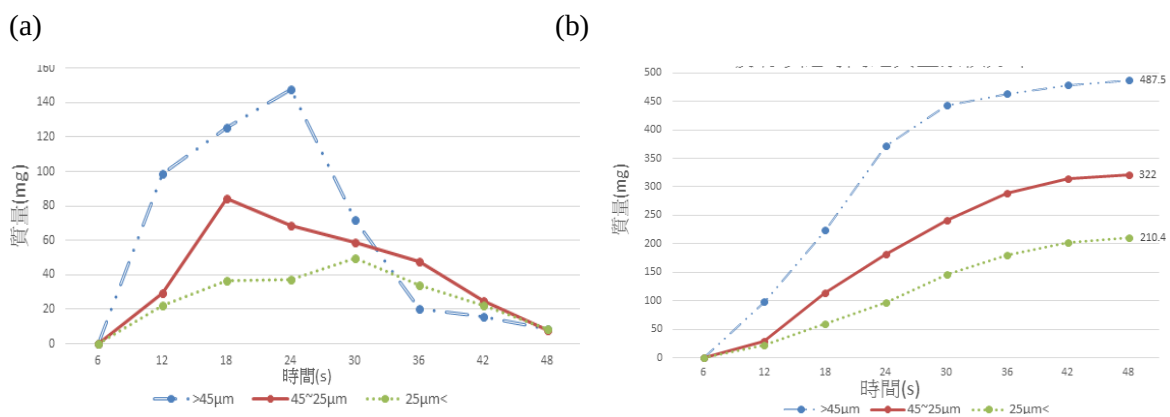


圖 1 同粒徑玻璃砂之出流質量圖

表 1 本實驗室所發展技術成本效益說明

技術項次及名稱	成本效益評估說明
1. 奈米乳化液促進微生物降解泥中萘、苯(a)駢芘與PCBs(已獲專利)	1.藥劑機具成本：含奈米乳化液之大豆油與界面活性劑成本、高速攪拌機成本、升溫降溫成本，整體而言，成本低廉。 2.施作成本：於河面上現場灌注設備成本、加壓灌注機具成本，船筏租賃成本。 3.監測驗證成本：監測可由一般具檢測能力機構進行；驗證由合格代檢測機構進行。 4.總評：成本低廉，但需長期整治，總體效益中等。
2. 以奈米氧化鐵進行重金屬回收	1.藥劑機具成本：含 FeCl_2、FeCl_3 與鹼劑成本、自動空溫攪拌機成本、清洗成本。整體而言，成本中等。 2.施作成本：於河面上現場灌注設備成本、加壓灌注機具成本，船筏租賃成本，因不適合攪拌(恐揚起而散失)，僅能灌注且灌注點細密，成本較第 1 項技術高，但適用污染物不同。 3.監測驗證成本：同第 1 項，但單項重金屬檢測價格較低。 4.總評：成本低廉，但需長期整治，總體效益中等。
3. 整合奈米氧化鐵與奈米乳化液進行萘、苯(a)駢芘與PCBs 整治與重金屬回收	1.藥劑機具成本：含奈米乳化液之大豆油與界面活性劑成本、高速攪拌機成本、升溫降溫成本；含 FeCl_2、FeCl_3 與鹼劑成本、自動空溫攪拌機成本、清洗成本。整體而言，成本中低。 2.施作成本：於河面上現場灌注設備成本、加壓灌注機具成本，船筏租賃成本。因不適合攪拌(恐揚起而散失)，僅能灌注且灌注點細密，成本較第 1 項技術高，但可適用重金屬與有機污染物。 3.監測驗證成本：同第 1 項。 4.總評：成本低廉，但需長期整治，但可同時整治有機與重金屬污染物，總體效益中高。。
4. 以高油量乳化直接回收 PBDEs 及 phthalates，並以殘餘乳化液促進微生物降解 PBDEs(已獲專利)	1.藥劑機具成本：含奈米乳化液之大豆油（較大量）與界面活性劑成本、高速攪拌機成本（無須升溫降溫）。整體而言，成本低廉。 2.施作成本：於河面上現場灌注設備成本、加壓灌注機具成本，船筏租賃成本。 3.監測驗證成本：同第 1 項。 4.總評：成本低廉，但需長期整治，總體效益中等。

表 5-8 本實驗室所發展技術成本效益說明 (續)

技術項次及名稱	成本效益評估說明
5. 底泥玻璃化(已獲專利)	1. 藥劑機具成本：含坭堦、添加劑、高速攪拌機成本、大型高週波加熱機具成本，顯著之電力成本，整體而言，成本偏高。 2. 施作成本：於河面上現場直接進行玻璃化之設備成本、船筏租賃成本。整體而言，成本偏高。 3. 監測驗證成本：同第1項。 4. 總評：成本偏高，但整治期縮短，總體效益中等。
6. 磁性活性碳去除底泥中 重金屬與 Aroclor 1254	1. 藥劑機具成本：含 FeCl_2、FeCl_3 與鹼劑、活性碳成本、自動空溫攪拌機成本、清洗成本。整體而言，成本中等。 2. 施作成本：於河面上現場灌注設備成本、加壓灌注機具成本，強磁鐵回收機具、船筏租賃成本，成本偏高。 3. 監測驗證成本：同第1項。 4. 總評：成本偏高，但整治期縮短，總體效益中等。
7. 污染底泥之凝膠過濾法(已獲專利)	1. 藥劑機具成本：含凝膠原料成本，自動控溫攪拌機成本，成品檢驗成本，整體而言，成本中等。 2. 施作成本：特殊機具成本，船筏租賃成本，成本中等。。 3. 監測驗證成本：同第1項。。 4. 驗證成本：將由合格代檢測機構進行，同第1項。
8. 現地相反轉法與再加蓋處理(已獲專利)	1. 藥劑機具成本：含奈米乳化液之大豆油與界面活性劑成本、高速攪拌機成本、升溫降溫成本，整體而言，成本低廉。 2. 施作成本：於河面上現場加熱灌注設備成本、加壓灌注機具成本，船筏租賃成本。 3. 監測驗證成本：同第1項。 4. 總評：成本偏中低且整治期縮短，效果相當高，總體效益高。
9. 以廢牡蠣殼及應回收廢玻璃將重金屬污染底泥玻璃化為有價環保多孔材	1. 藥劑機具成本：含坭堦、添加劑、高速攪拌機成本、大型高週波加熱機具成本，顯著之電力成本，整體而言，成本原本偏高，但應使用應處理底泥、廢牡蠣殼及應回收廢玻璃，故成本為負值，具高經濟效益。 2. 施作成本：可於現地進行或挖起後於址外進行，因材料成本為負，施作成本。 3. 監測驗證成本：同第1項。 4. 總評：整體成本低且成品可販售獲利，且整治期縮短，總體效益高。



附件

附件十三 本專案衍生技術專利延續辦理情形



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第2年)

(空白頁)



附件十三 本專案衍生技術專利延續辦理情形

本專案歷年衍生之專利技術共有 10 件，已獲專利 9 件，審查中 1 件，如表 5-9 所示。底泥玻璃化方法專利之申請經過與專利事務所多次討論，確認將對 800-1600°C 之範圍進行專利權利項請求，業於 2017 年 2 月獲得發明專利；以改良式凝膠進行底泥顆粒分離之方法專利也在 2016 年初有突破性進展，已經可以在 24 秒內完成至少 85% 以上之粒徑在 25 μm 以下之底泥之截留，小於 25 μm 、25~45 μm 與大於 45 μm 之玻璃砂，各進樣 0.5 g 經過分離後之粒徑分布與時間關係如圖 5-25 所示。假設在 25 μm 以下之底泥顆粒具有 90% 之疏水性有機污染物質量吸附（國內某場址之情況），此方法將可望在單次操作達到 75% 以上之去除率，此專利於 2017 年 10 月 21 日獲得發明專利。105-106 年執行計畫產出之結合現地相反轉與生物還原脫氯整治底泥中疏水性有機污染物之技術，於 2019 年 5 月 1 日獲得專利。污染土壤現地玻璃化技術之專利也已經於 2021 年 02 月 11 日獲得專利，證書字號為發明第 I718759 號。「利用重金屬污染土壤再製之輕質多孔粒料、及其製作方法」於 2022 年 06 月 21 日獲得專利，證書字號為發明第 I769019 號。截至目前為止，在土基會補助計畫下，已經獲得 9 項專利，第 10 項目前申請中。

表 5-13 本研究團隊執行本專案衍生之專利辦理情形

專利項次及名稱	辦理情形	證書字號	期 限
1. 環境介質整治方法	已獲專利	發明第 I478876 號	2015/04/01-2033/01/09
2. 乳化液作為土壤、地下水、底泥及其他環境介質之整治用劑	已獲專利	發明第 I511935 號	2015/12/11-2030/04/29
3. 環境整治用乳化原液、及受污染環境之整治方法	已獲專利	發明第 I558671 號	2016/11/21-2035/01/15
4. 污染底泥玻璃化方法	已獲專利	發明第 I571444 號	2017/02/21-2036/05/11
5. 微流體通道型 SERS 檢測用基材之製備方法、探針型 SERS 檢測用基材之製備方法、平面型 SERS 檢測用基材之製備方法、及有機污染物之檢測方法	已獲專利	發明第 I579554 號	2017/04/21-2035/07/05
6. 污染底泥之凝膠分離方法	已獲專利	發明第 I602606 號	2017/10/21-2036/05/29
7. 適用於整治污染底泥之相反轉型乳化液、及污染底泥之整治方法	已獲專利	發明第 I658008 號	2019/05/01-2037/11/16
8. 現地玻璃化轉換裝置、以及玻璃瀝青組合物	已獲專利	發明第 I718759 號	2021/02/11-2039/11/13
9. 利用重金屬污染土壤再製之輕質多孔粒料、及其製作方法	已獲專利	發明第 I769019 號	2022/06/21-2041/07/20
10. 利用重金屬污染高鹽分底泥再製之輕質多孔粒料、及其製作方法材	審查中	已經於 2022 年提出	NA



南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



附件

附件十四 機器學習說明



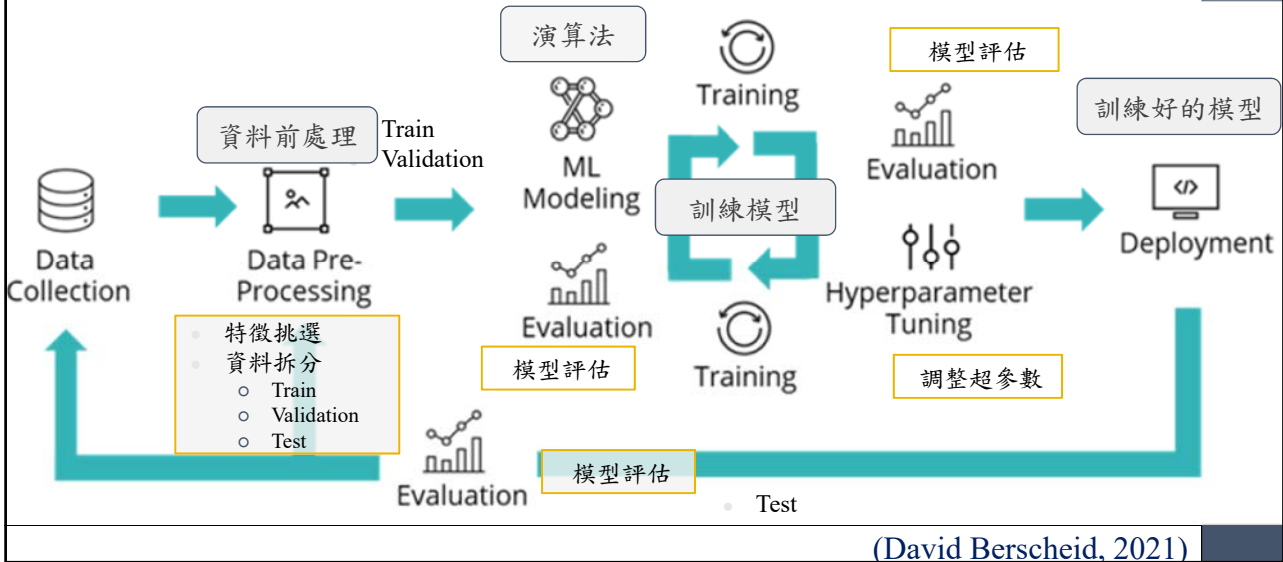
南崁溪污染底泥整治模場試驗計畫-結合人工智慧之多溴二苯醚整治技術研發(第 2 年)

(空白頁)



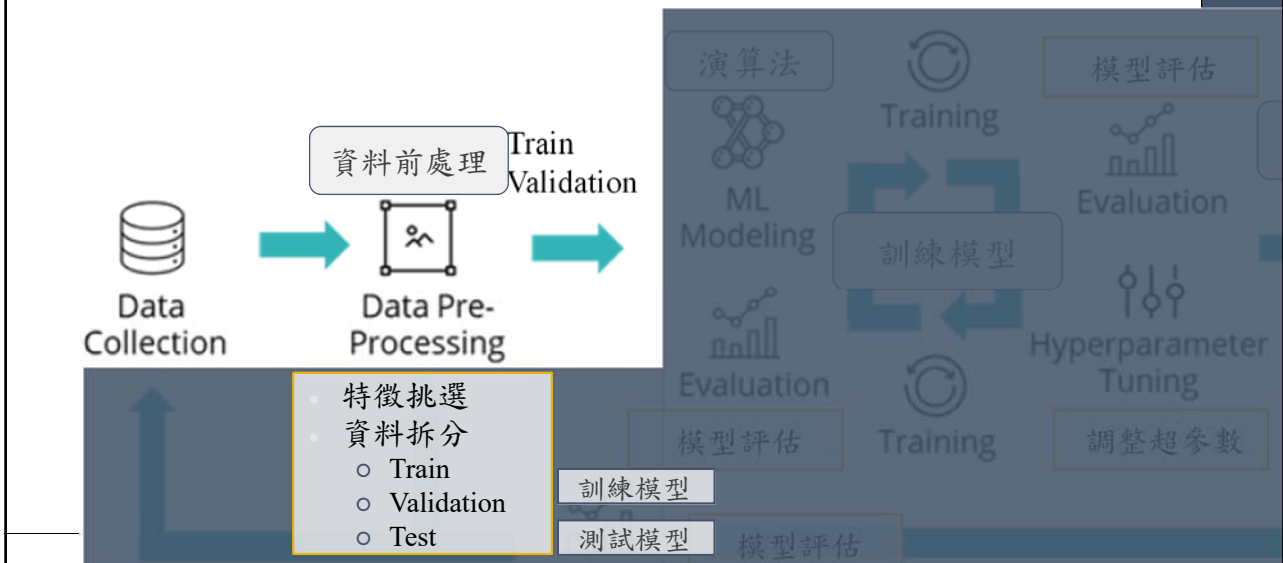
02

機器學習 (Machine Learning, ML)



02

機器學習 (Machine Learning, ML)





02

機器學習 (Machine Learning, ML)



02

機器學習 (Machine Learning, ML)

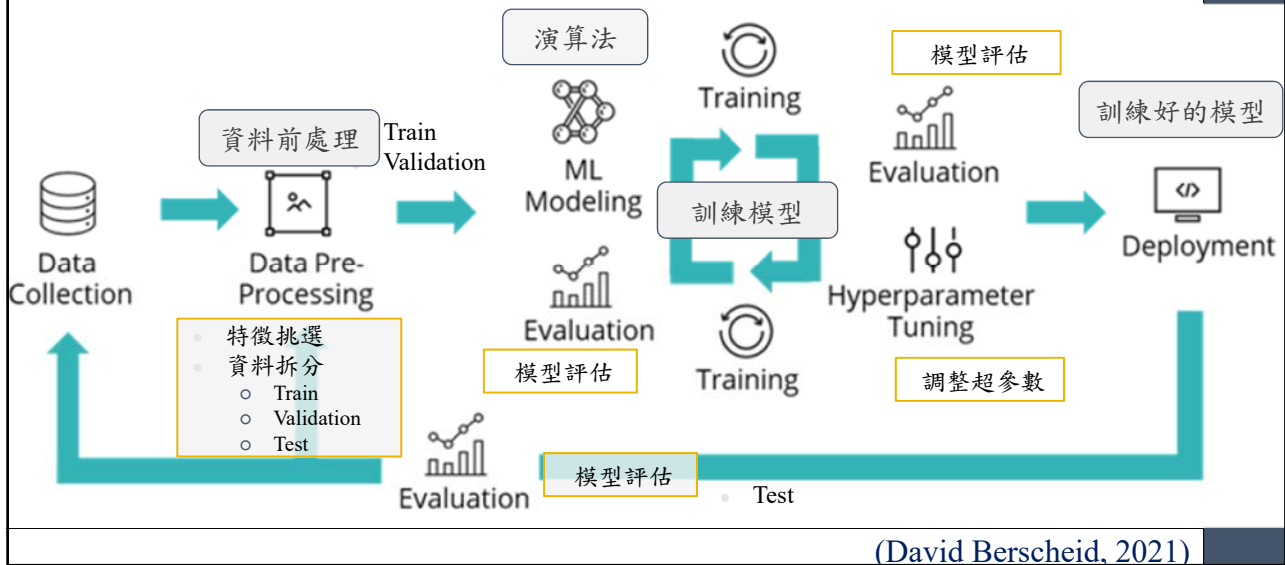


(David Berscheid, 2021)



02

機器學習 (Machine Learning, ML)



02

文獻回顧

模型測試選擇

- **LASSO (least absolute shrinkage and selection operator)**
- **RF (Random forest)**
- **XGBoost (Extreme gradient boosting)**
- **ANN (artificial neural network)**
- **KNN (k-nearest neighbors)**



02 文獻回顧

模型評估

- 評估模型預測之準確度
- 模型評估指標
 - R^2 值 (R-squared)
 - 均方誤差 (Mean square error, MSE)
 - 均方根誤差 (Root mean square error, RMSE)

資料前處理

$$\frac{1}{x} \frac{dx}{dt} = \mu = \frac{\mu_{max} S}{K_S} = kS \quad \ln x \Big|_{x_0}^{x_t} = -\frac{k}{k'} S \Big|_{S_0}^{S_t} \quad \ln \frac{x_t}{x_0} = \frac{k}{k'} (S_0 - S_t)$$

- 所有sequencing depth調為一致
- 全部copy數+1
- 全部取自然對數值
- 由336個data sets 改為1008個data sets

結果與討論

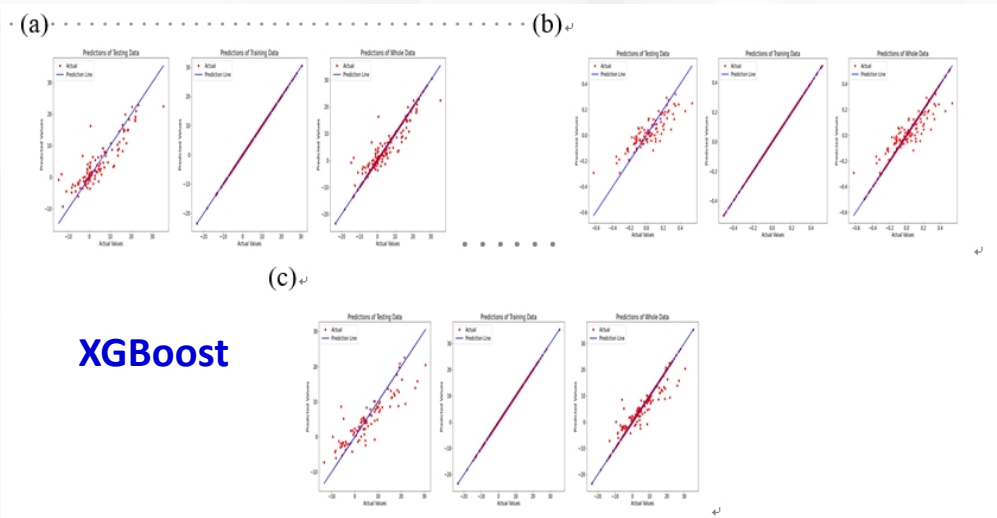
人工智慧機器學習

階段	指標	LASSO	RF	XGBoost	ANN
訓練(80%)	MSE	0.0008	5.1490	0.0000	2.1457
	RMSE	0.0275	2.2691	0.0029	1.4648
	R^2	1.0000	0.8714	1.0000	0.9464
測試(20%)	MSE	0.0065	13.4494	9.5383	7.6188
	RMSE	0.0803	3.6673	3.0084	2.7602
	R^2	0.9999	0.7248	0.8048	0.8441
驗證(100%)	MSE	0.0019	6.8124	1.9115	3.2425
	RMSE	0.0435	2.6101	1.3826	1.8007
	R^2	1.0000	0.8371	0.9543	0.9225

註：LASSO = least absolute shrinkage and selection operator; RF = random forest; XGBoost = Extreme Gradient Boosting; ANN = artificial neural network

結果與討論

人工智慧機器學習





排名	全部資料/相關性 (A)		風化組/相關性 (B)		添加組/相關性 (C)	
1.	<i>Arcobacter acticola</i>	-	<i>Puteibacter caeruleilacunae</i>	+	<i>Lentimicrobium saccharophilum</i>	-
2.	<i>Vicinamibacter silvestris</i>	-	<i>Youhaiella tibetensis</i>	-	<i>Zoogloea ramigera</i>	-
3.	<i>Pelosinus propionicus</i> DSM-13327	+	<i>Zoogloea ramigera</i>	-	<i>Bacillus spizizenii</i>	-
4.	Unassigned	-	<i>Anaerotaenia torta</i>	-	<i>Thermostilla marina</i>	+
5.	<i>Thioalkalivibrio sulfidiphilus</i>	-	<i>Zeimonas arvi</i>	-	Unassigned	+
6.	<i>Pelagibius marinus</i>	-	<i>Macellibacteroides fermentans</i>	+	<i>Thiobacter subterraneus</i>	+
7.	<i>Mycolicibacterium cosmeticum</i>	-	<i>Sporobacter termitidis</i>	-	<i>Limisphaera ngatamarikiensis</i>	-
8.	<i>Dysosmobacter acutus</i>	-	<i>Fusibacter fontis</i>	+	<i>Priestia koreensis</i>	-
9.	<i>Vogesella amnigena</i>	-	<i>Capsulimonas corticalis</i>	-	<i>Terrimonas soli</i>	-
10.	<i>Alkalibaculum sporogenes</i>	+	<i>Cetobacterium somerae</i>	+	<i>Arcobacter acticola</i>	-
11.	<i>Clostridium magnum</i> DSM-2767	+	<i>Sunxiuqinia rutila</i>	-	<i>Fusibacter paucivorans</i>	-
12.	<i>Bacillus pumilus</i>	+	Unassigned	+	<i>Sulfurimonas crateris</i>	-
13.	<i>Priestia koreensis</i>	-	<i>Gemmatimonas phototrophica</i>	+	<i>Sulfurimonas crateris</i>	-
14.	<i>Anaerocolumna cellulolytica</i>	-	<i>Lignipirellula crenea</i>	-	<i>Spiroplasma eriocheiris</i> CCTCC-M-207170	+
15.	<i>Geothermobacter hydrogeniphilus</i>	-	Unassigned	+	<i>Intestinimonas timonensis</i>	+
16.	<i>Pararheinheimera texasensis</i>	-	<i>Nitrospina gracilis</i> 3/211	-	<i>Ornatilinea apprima</i>	+
17.	<i>Acetobacteroides hydrogenigenes</i>	+	<i>Syntrophomonas curvata</i>	+	<i>Dissulfurimicrobium hydrothermale</i>	+
18.	<i>Macellibacteroides fermentans</i>	+	<i>Propionispora vibrioides</i>	-	<i>Geothermobacter hydrogeniphilus</i>	-
19.	<i>Ignavibacterium album</i> JCM-16511	-	<i>Thermanaerothrix daxensis</i>	+	<i>Paeniclostridium [Eubacterium] tenue</i>	-
20.	<i>Tepidibaculum saccharolyticum</i>	-	<i>Desulfoglaeba alkanexedens</i> ALDC	+	<i>Raoultibacter timonensis</i>	+

結果與討論

人工智慧機器學習

- ▶ 這些與BDE-209降解正相關之菌種均屬可產生 H_2 與乙酸之發酵菌居多，並未見到文獻中較常見之厭氧脫溴菌種與菌株，如*Dehalococcoides mccartyi* BAV1、*Dehalococcoides mccartyi* CBDB1、*Dehalogenimonas*、*Dehalobacter*、*Acinetobacter*、*Geobacter*、*Shewanella*、*Myxobacteria* sp.、*Sulfurospirillum multivorans*、*Desulfovibrio* sp.、*Sphingomonas* sp. SS3、*Sphingomonas* sp. SS33、*Cupriavidus* sp.、*Pseudomonas aeruginosa*、*Rhodococcus jostii* PHA1、*Burkholderia xenovorans* LB400、*Rhodococcus* sp. RR1與*Pseudomonas dioxanivorans* CB1190等
- ▶ 僅有*Bacillus pumilus*與*Clostridium magnum* DSM 2767與附件九*Bacillus* sp. 與*Clostridium* spp.略有重複，其他完全未見到。在附件八中則是僅有添加組中可見到*Dehalococcoides mccartyi* 195，排在95、114與161，在預測之相對重要性偏低。*Geobacter*屬之菌種則是出現機率較高（三種學習資料中都有出現）且排名靠前（在21-50名之間），其餘均未見到。所以，文獻報導之脫溴菌種可做降解成功之必要條件，但並非充分條件或是最佳指標。