

文蛤遺傳多樣性之調查研究—建構生命條碼資料庫

宋嘉軒¹、陳高松¹、何淑真¹、陳佳香¹、蕭聖代²
¹企劃資訊組、²海洋漁業組

文蛤是臺灣西南沿海重要的養殖二枚貝，主要的養殖地區在彰雲嘉南的中南部沿海地區，近三年平均產量為 5.15 萬噸，平均產值達 41.9 億元 (圖 1)。



圖 1 2017 年四大縣市產量與產值

文蛤屬於軟體動物門雙殼綱簾蛤科文蛤屬，臺灣地區文獻記載有文蛤屬的文蛤有 5 種，包含：臺灣文蛤 (*Meretrix meretrix*)、文蛤 (*M. lusoria*)、韓國文蛤 (*M. lamarckii*)、中華文蛤 (*M. petechialis*) 及皺肋文蛤 (*M. lyrata*)，各種文蛤有時在外觀上不易明顯區分，必須搭配 DNA 序列資料輔助辨別。本計畫主要是調查臺灣文蛤的物種多樣性，並建立文蛤之生命條碼，闡明種屬間的親緣演化關係，協助文蛤的繁養殖、保種、育種等相關研究及管理。

以粒線體 COI 及 COII 基因作為文蛤生命條碼的標的基因，設計文蛤屬 COI 基因引子，PCR 反應條件為 54 度，擴增片段為 631bp (圖 2A)；以及 COII 基因引子，反應溫度為 54 度，擴增片段長度為 701bp (圖 2B)。

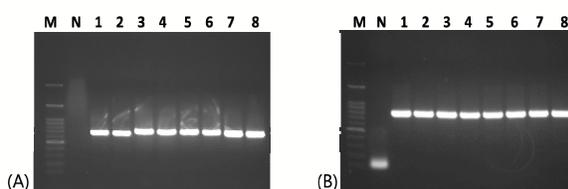


圖 2 以瓊質膠電泳分析 PCR 產物(A：COI 基因；B：COII 基因)

收集臺灣文蛤、文蛤、韓國文蛤、中華文蛤及皺肋文蛤 DNA 樣品，以本試驗引子皆可穩定擴增出目標片段。遂以此引子分析樣品來源包含：新北市、彰化縣、雲林縣、嘉義縣、臺南市、高雄市及金門縣等之野生及養殖文蛤，共累積 161 筆生命條碼序列資料。以最大似然法 (maximum likelihood, ML) 建構臺灣文蛤親緣關係樹，可信度值設 1,000，合併 COI 及 COII 基因序列進行譜系分析。結果顯示臺灣文蛤種系之間具有良好的分群效果；而新北市、彰化縣、雲林縣、嘉義縣、臺南市及高雄市採樣的野生及養殖文蛤與文蛤 *M. lusoria* 聚類較相近 (圖 3)。

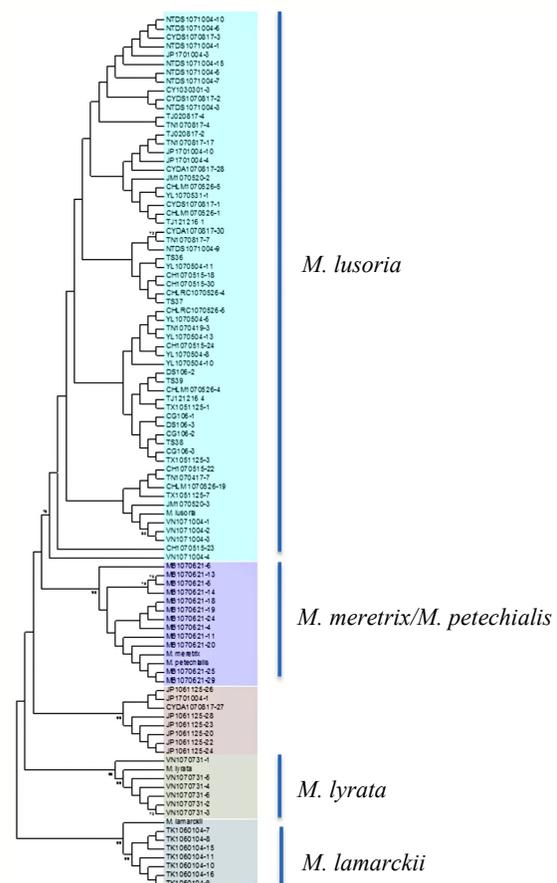


圖 3 以 COI 及 COII 基因序列進行親緣性分析