

## 以第三代定序解析臺灣養殖文蛤之轉錄體及相關遺傳分析

黃慶輝、吳嘉哲  
水產養殖組

本研究目標為瞭解文蛤其基因序列組成，分析其環境適應能力之相關基因，並期待這些解析之基因序列資料能夠作為後續文蛤品種培育之起點與基石，以及未來能配合耐候性品種之育種相關研究以改善臺灣文蛤的養殖現況。本研究採取臺灣養殖文蛤 (*Meretrix* spp.) 之組織樣本萃取核酸後，使用奈米孔定序技術 (nanopore sequencing) 作為本研究基因遺傳分析之主要工具。本次採集臺南七股之養殖文蛤鰓及斧足肌肉之樣本，定序後共獲得 717,585 條序列，將這些序列比對資料庫中現有 14 種二枚貝之功能性基因序列資料，進行基因註解 (annotation) 後以基因功能分類 (gene ontology, GO) 分析 (圖 1)，此方法提供

一系統性分析基因功能的工具，將每個基因的特性用結構性的方式分群，分析後對應至 403,167 個基因，其中較具有後續研究潛力者為熱休克蛋白基因 (heat shock protein, *hsp*)。熱休克蛋白可提高細胞因應外界刺激的防禦能力，包含溫度及鹽度等外界緊迫因子，其中以 *hsp70* 之相關研究最多，而本研究經基因註解結果，文蛤轉錄體序列共可對應到 48 種二枚貝 *hsp70* 序列。一般來說，生物體受到高溫等緊迫因子影響時，就會大量合成 HSP70 等熱休克蛋白，使每個細胞在高溫下維持正常的生理活動，熱休克蛋白亦可促進有利於健康蛋白質的相互作用，本研究後續擬就 HSP70 相關基因做進一步探討。

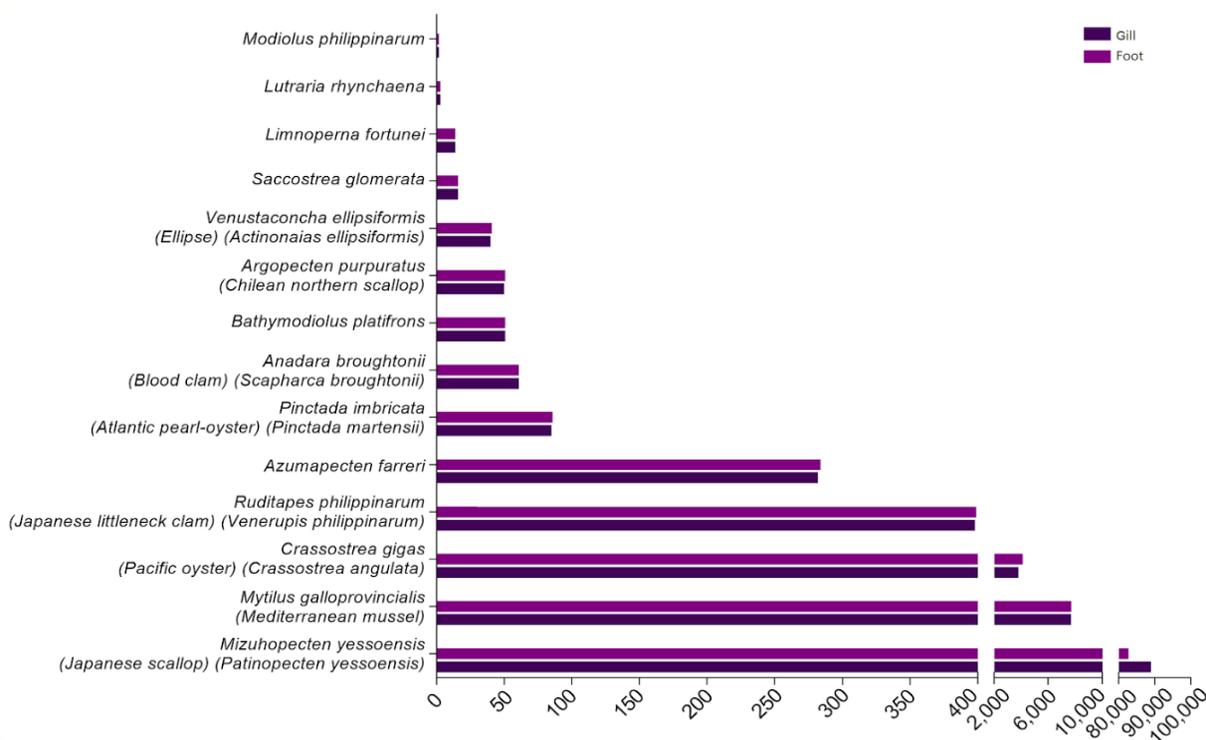


圖 1 臺灣七股養殖文蛤轉錄體定序結果與 14 種二枚貝資料庫物種之基因註解