



臺南市將軍區沿海野生文蛤種類的分子鑑定

宋嘉軒¹、林峰右²、何欣玗¹

¹水產試驗所技術服務組、²海水養殖研究中心



前言

文蛤是在臺灣水產養殖二枚貝中重要的物種，幾乎每一個傳統市場都有販售，有時會看到特別標榜販賣野生文蛤，在外觀上和一般的養殖文蛤（圖 1）並沒有很明顯的差異，這兩年陸續在市場上有販賣在殼色及花紋上較不同的野生文蛤，殼色可以區分為兩種，有常見的紅褐色和比較少見的灰色（圖 2），本所海水養殖研究中心也從臺南市將軍區沿海收集到相似的野生文蛤。

在採樣的過程中觀察到此野生文蛤在肌肉組織的顏色上有別於一般市售的養殖文蛤，而此野生文蛤的肌肉組織則是呈現

淡紅色，在斧足的部分顏色最為明顯（圖 3），一般養殖文蛤的組織是呈現乳白色和極淺的黃色，兩者有很明顯的不同，為了瞭解此野生文蛤的種類，使用 *cox2* 基因為目標片段進行分析分子鑑定。



圖 1 市售常見養殖文蛤



圖 2 市售殼色不同的野生文蛤



圖 3 野生文蛤的肌肉組織呈淡紅色

材料方法

本次分析野生文蛤包含 2024 年 7 月、2025 年 5 及 11 月 (由國立高雄科技大學莊翔傑副教授提供) 所採集的樣品，剪取閉殼肌的肌肉組織，使用商用離心管柱進行 genomic DNA 萃取，後續進行聚合酶連鎖反應 (polymerase chain reaction, PCR) 擴增目標產物，並核酸定序及序列比對分析。

比對使用的參考序列選用 GenBank 上所收集的 *cox2* 基因，包含：韓國文蛤 (*Mereirix lamarckii*) (GU071281)、麗文蛤 (*M. lusoria*) (MT418596)、皺肋文蛤 (*M. lyrata*) (NC_022924)、中華文蛤 (*M. petechialis*) (EU145977)、臺灣文蛤 (*M. taiwanica*) (OQ685803)、韓國文蛤 Female type (KP244451)。首先使用 BioEdit 進行多序列比對 (multiple sequence alignment) 分析，

並依比對結果計算核酸同一性 (identity)，瞭解野生文蛤和不同種文蛤的基因相似程度。在核酸序列的比對部分，可以看出野生文蛤的基因序列和大部分的參考序列有明顯的不同，除了序列排列組合不同，也有較大片段的間隔 (gap)，最相似的是序號 GU071281 的韓國文蛤 (圖 4)。

結果

透過計算基因核酸序列的同一性可更簡單的依照數值判斷彼此的相似度，越靠近 1 代表相似度越高，本次分析的 3 批野外文蛤的核酸序列同一性為 0.992 – 0.998 (表 1)，和參考序列的同一性為 0.995 – 0.996，其中與序號 GU071281 韓國文蛤最相似 (0.989 – 0.996)，和主要養殖的臺灣文蛤同一性只有 0.507 – 0.509。

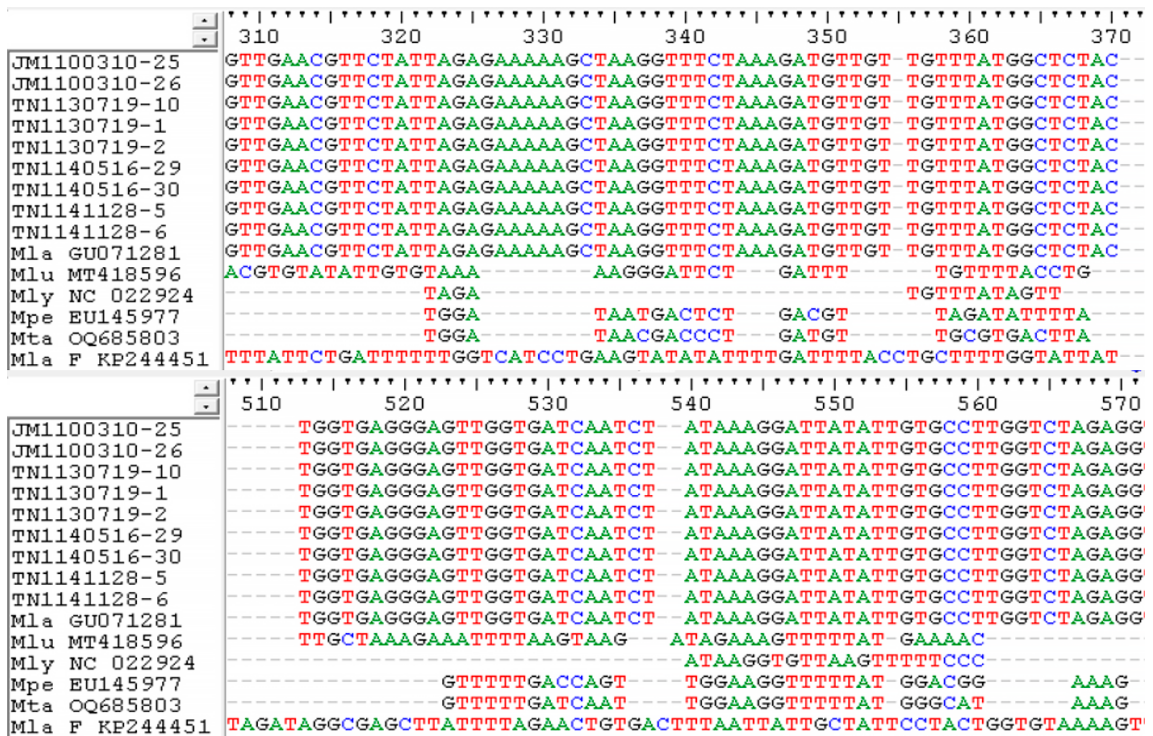


圖 4 部分 *cox2* 基因之多序列比對

表 1 *cox2* 基因核酸序列同一性比對

	JM 11003-25	TN 11307-10	TN 11405-30	TN 11411-5	Mla_GU 071281	Mlu_MT 418596	Mly_NC_ 022924	Mpe_EU 145977	Mta_OQ 685803	Mla(F)KP 244451
JM 11003-25	-	0.994	0.988	0.995	0.992	0.513	0.498	0.507	0.509	0.397
TN 11307-10	0.994	-	0.992	0.998	0.995	0.514	0.502	0.507	0.509	0.395
TN 11405-30	0.988	0.992	-	0.993	0.989	0.513	0.5	0.506	0.507	0.396
TN 11411-5	0.995	0.998	0.993	-	0.996	0.514	0.501	0.507	0.509	0.395
Mla_GU 071281	0.992	0.995	0.989	0.996	-	0.514	0.501	0.505	0.509	0.395
Mlu_MT 418596	0.513	0.514	0.513	0.514	0.514	-	0.507	0.69	0.716	0.295
Mly_NC_ 022924	0.498	0.502	0.5	0.501	0.501	0.507	-	0.518	0.534	0.253
Mpe_EU 145977	0.507	0.507	0.506	0.507	0.505	0.69	0.518	-	0.837	0.286
Mta_OQ 685803	0.509	0.509	0.507	0.509	0.509	0.716	0.534	0.837	-	0.274
Mla(F)KP 244451	0.397	0.395	0.396	0.395	0.395	0.295	0.253	0.286	0.274	-

使用 MEGA 中 maximum likelihood 法進行演化樹親緣性分析，演化樹顯示出不同種類的文蛤可被區分在不同的演化支，且具有高 bootstrap value (> 70)，3 批臺南沿海的野生文蛤與 GU071281 韓國文蛤聚類在同一演化支 (圖 5)，親緣性分析的結果與序列比對的結果相吻合，顯示這 3 批的野生文蛤並不是臺灣文蛤。

結語

依據目前已發表的數據進行分析，這些野生文蛤不是臺灣文蛤，和韓國文蛤的核酸序列最相近。然而，確實也有研究團隊提出臺南沿海的野生文蛤可能是一種新種的文蛤，但目前尚無文蛤新種命名的研究報告發表。在 2012 年，日本熊本大學、沖繩大學及琉球大學的共同研究指出，在日本有發現麗文蛤 (*M. lusoria*) 及中華文蛤 (*M. petechialis*) 的雜交現象，雖然同屬之間的生物論上是有機會可以進行雜交，但目前尚未

有臺灣文蛤雜交子代的科學論文發表，後續仍需進行不同的試驗才可確認其可行性。

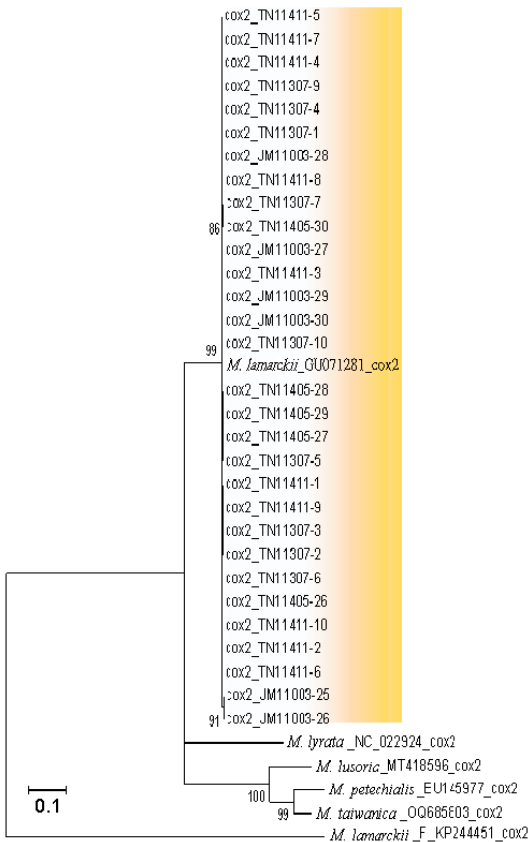


圖 5 演化樹親緣性分析