

## 以次世代定序解析臺灣養殖文蛤之轉錄體及相關遺傳分析(II)

黃慶輝、吳嘉哲  
水產養殖組

近年臺灣文蛤人工養殖技術逐漸完備並推廣至民間業者，然而隨著養殖規模的擴大，如生長停滯、偶發及季節性的大量死亡等問題也持續發生，是近年文蛤產量不甚穩定的主因，如 2016 年 8 月於雲林縣臺西麥寮一帶養殖文蛤大量暴斃事件，其育成率由原先的 6-7 成銳減為 3 成不到。前述問題初步推測可能為：季節轉換氣溫變化劇烈、養殖密度過高導致水質環境惡化等因素所造成。本計畫使用次世代定序技術 (Next Generation Sequencing, NGS) 針對最主要之養殖文蛤物種轉錄體及鰓與腸道內共生菌展開基因遺傳分析研究，期能改善目前文蛤養殖遭遇之環境相關問題。目前執行結果及後續預定辦理方向說明如下：

完成次世代定序的文蛤轉錄體序列，經由 Function Annotator pipeline 進行序列註解 (annotation)，再由 NCBI Blastx 等進行序列比對之結果，文蛤轉錄體 (transcriptome) 其序列與現有相關軟體動物之序列資料相似度較低，最接近之太平洋牡蠣 (*Crassostrea gigas*) 亦僅有 33.6% 之相似度。另經由序列分析，篩

選出 38 個可能之熱休克蛋白 Heat Shock Protein 70 基因 (HSP70)、29 個可能之毒物代謝相關基因 (Cytochrome P450) 及 48 個可能之細胞凋亡抑制基因 Inhibitor of Apoptosis Protein (IAP)。後續進一步探討這些耐溫相關基因的表現，期能了解文蛤養殖遭遇之問題。

另，由文蛤個體鰓及腸道內萃取共生菌並進行 metagenome (環境基因組) 分析內共生菌組成 (圖 1)，其分析結果顯示，於腸道菌之組成上，野生個體以黴漿菌屬 (*Mycoplasma* spp.) 為主，佔 65-85% 以上。黴漿菌屬成為主要腸道菌之情形亦發生在其它海洋生物，如大西洋鮭 (*Salmo salar*) 等；養殖個體之菌相組成相較於野生個體更為複雜，且其組成除包含一般養殖常用之益生菌，如腸球菌屬 (*Enterococcus* spp.) 及乳酸桿菌屬 (*Lactobacillus* spp.) 外，發現共生菌組成種類較多，多樣性較高，多樣性高的成因可能為文蛤養殖池之施肥、投放相關益生菌及養殖池原有之細菌所造成的，後續仍須進一步增加採樣地區及樣本數分析以進行進一步瞭解。

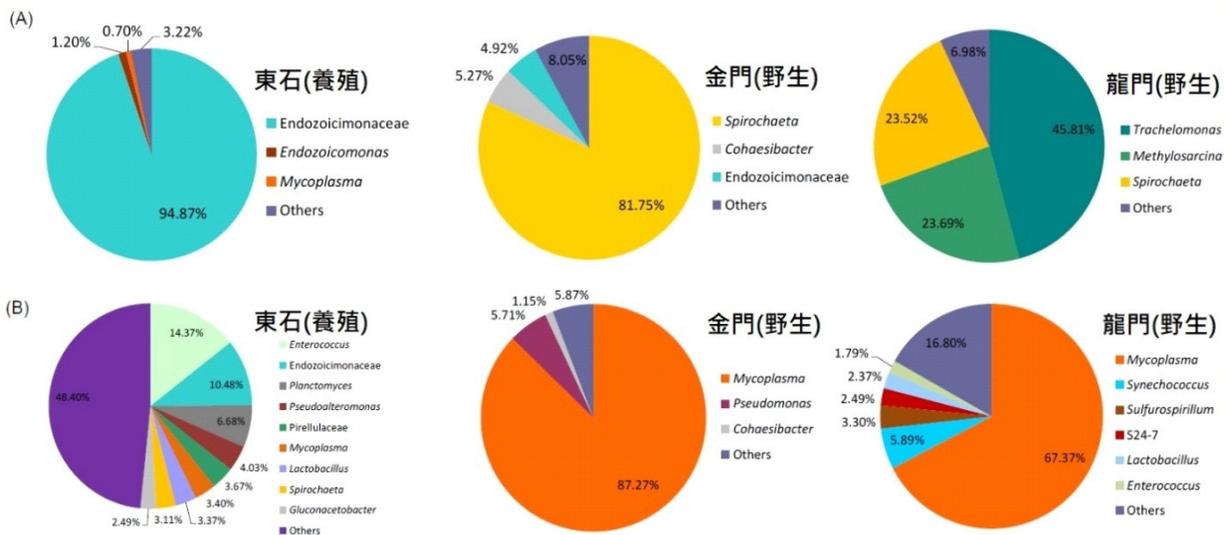


圖 1 臺灣文蛤之內共生菌組成(細菌分類層級至屬，(A)鰓、(B)腸道)