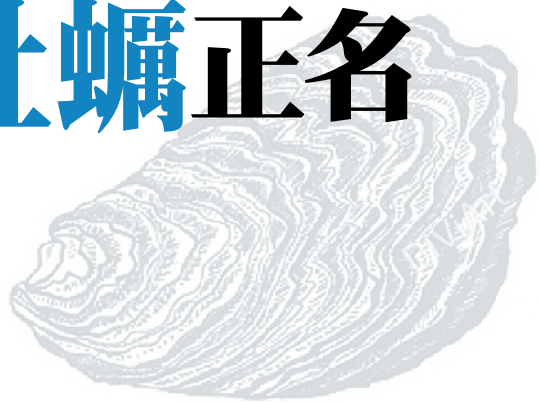




生命條碼鑑定 為臺灣產牡蠣正名



走進海產店，很多人總要點盤蚵仔湯，品嚐臺灣道地的海鮮料理。換個場景來到燒烤店，卸下半個外殼的生蠔，也是烤肉架上常見的鮮食。不論蚵或蠔，都是牡蠣的俗名；前者主要來自臺灣沿海的養殖場，後者則多從日本、韓國等國家進口。由於食用習慣的不同，在溫帶水域以單體方式養殖的蠔，往往三年採收一次，以使殼形飽滿、蠔肉肥美；而在臺灣蚵田垂掛養殖的蚵串，一年即採收，此時蚵仔大小正適合入菜。

牡蠣養殖在臺灣已有逾百年歷史，每年平均創造新臺幣數十億元產值。日治時期經學者描述，認為臺灣產的牡蠣與生長於北太平洋溫帶水域的太平洋牡蠣 (*Crassostrea gigas*) 外觀相似，應為同種。然而過去臺灣曾試圖從日本引進太平洋牡蠣進行雜交育種，希望培養出生長快速且體型大的牡蠣，卻沒能於田間成功繁殖。屢次的失敗，讓農委會水產試驗所的研究人員開始懷疑，臺灣的牡蠣是否真為太平洋牡蠣。

研究顯示，太平洋牡蠣與同屬的葡萄牙牡蠣 (*Crassostrea angulata*) 外觀極為相似，無明顯特徵可供區辨，經分子生物技術鑑定，證實兩者有緊密的親緣關係。1990年代末期，曾有臺灣學者提供本地牡蠣樣本予法國學者做親緣鑑定，發現與生長於法國南方蔚藍海岸



▲ 太平洋牡蠣 (左，年齡三年以上) 和葡萄牙牡蠣 (右，年齡約為一年) 殼形相似、難以區分。前者生長於較冷水域、生長速度較慢；而根據目前記錄，前者極限體長 (35.5公分) 較後者 (未有明確數據) 來得長。

及葡萄牙周邊海域的葡萄牙牡蠣較接近，即使如此，20多年來臺灣仍持續沿用太平洋牡蠣之名。直到2008年，任職於水試所的蕭聖代等人與中央研究院生物多樣性研究中心研究員陳昭倫合作展開大規模調查，採集臺灣沿海以至中國東南沿海多處的牡蠣樣本，臺灣產牡蠣才慢慢步入正名之路。



臺灣究竟有沒有太平洋牡蠣？

歷年來，臺灣與中國的研究人員經調查研究得知，



陳昭倫

中央研究院生物多樣性研究中心研究員，專長為海洋生物多樣性演化、生物礁生態與共生物學。近年來研究重心在於氣候變遷衝擊下珊瑚共生體的調適與適應、珊瑚礁生態韌性與環境治理。

長江口為一道分隔許多海洋物種的重要隱形界線，其中包括太平洋牡蠣和葡萄牙牡蠣。牡蠣的卵在孵化後，幼苗會經歷約20天的浮游期，任海流將其帶往適合附苗之處，因此洋流走向在很大程度上，決定了牡蠣的族群動態和遺傳結構。

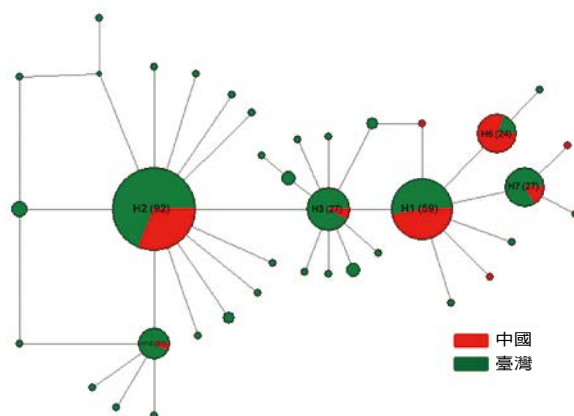
受到黑潮影響，臺灣周遭海域的洋流終年大抵往北走，而臺灣海峽在冬夏時節分別受東北向及西南向的季風牽引，洋流走向略有不同。夏季時，西南季風會帶動一股南海海流穿過臺灣海峽往北走，也牽引黑潮，使其分出支流從澎湖水道北上；時序入冬，強勁的東北季風從西伯利亞一帶往南壓下，順道帶起長江口的海水一併南移、進入臺灣海峽，稱為中國沿岸流。長江口因而成為葡萄牙牡蠣分布的北界，太平洋牡蠣則主要分布於以北的東海、渤海及黃海海域。

冬季時中國沿岸流會一路往南延伸至北緯24~22度，而臺灣介於北緯22~25度，加上氣候兼具熱帶與亞熱帶特色，沿海海域很可能有葡萄牙牡蠣與太平洋牡蠣共存。為了釐清太平洋牡蠣分布之南界，以及在長江口以南是否有與葡萄牙牡蠣雜交的現象，陳昭倫團隊選擇在中國長江口以南的溫州、馬祖、金門和北海沿海，以及臺灣全島沿海八個地點，共採集313個野生樣本並進行DNA生命條碼分析 (barcoding)。

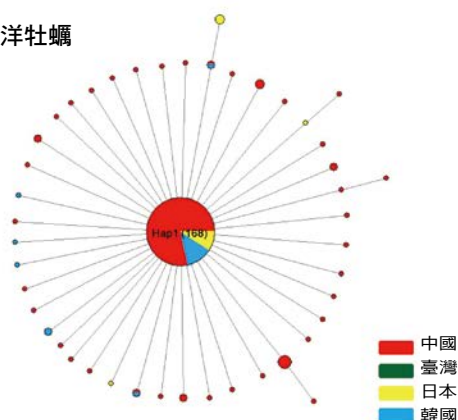
科學家在鑑定物種時，時常選用一段特定的DNA序列來做定序比對，例如粒線體中的細胞色素c氧化酶次單元I (cytochrome c oxidase subunit I, COI) 基因序列。粒線體經由母系遺傳而來，可藉此得知個體間的遺傳關係，而COI基因相對其他DNA序列有更高的突變頻率，變異性較大，適合分析族群遺傳結構。在這項研究中，COI基因便做為生命條碼，只要定序各牡蠣樣本的COI基因，與已知太平洋牡蠣和葡萄牙牡蠣的序列比對，即可準確鑑定出種類，並了解有哪些不同單倍體基因型 (haplotype)。

結果顯示，臺灣及中國東南沿海的牡蠣全都屬於葡萄牙牡蠣。而針對細胞核內轉錄區間 (internal transcribed spacer, ITS) 序列的分析結果也指出，這些樣本皆未與太平洋牡蠣雜交。

(a) 葡萄牙牡蠣



(b) 太平洋牡蠣

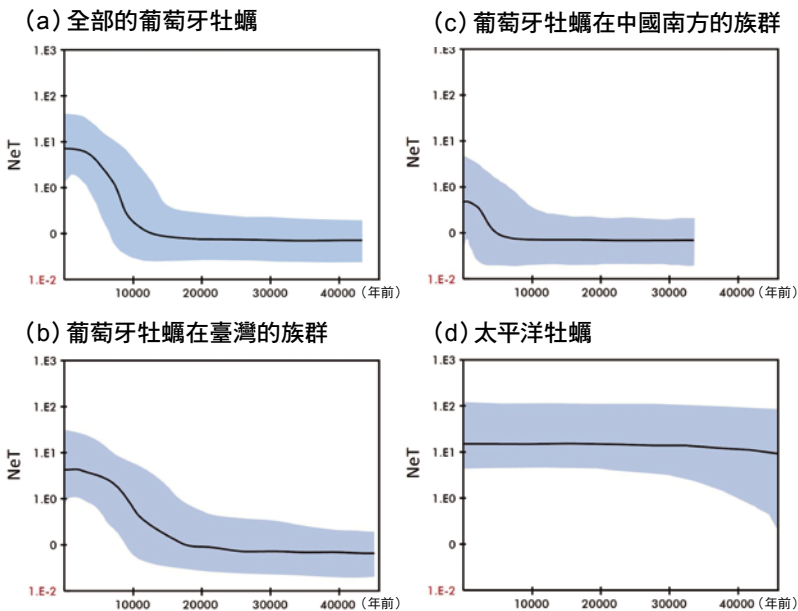


↑ 葡萄牙牡蠣 (a) 及太平洋牡蠣 (b) 的單倍體基因型網狀結構分析圖。



葡萄牙牡蠣原鄉在臺灣？

進一步分析太平洋牡蠣與葡萄牙牡蠣各種基因型之間的關係，會發現葡萄牙牡蠣的COI基因發生較多次突變，意味此物種經歷了更長時間的演化 (上圖)；而採集自臺灣沿海的牡蠣，也比中國沿海族群擁有更多在地基因型，亦即遺傳多樣性較高，可能是較為古老的族群。此外，針對過去地質事件的分析，也顯示數萬年前冰期與間冰期的交替變化，很可能形塑了西太平洋海洋生物的族群拓殖歷史。於是陳昭倫團隊提出假說，推測葡萄牙牡蠣和太平洋牡蠣應起源於南方 (兩者祖先較近似適應溫暖水域的葡萄牙牡蠣)，且臺灣很可能是葡萄牙牡蠣的原鄉，16~17世紀經由人為攜帶或隨著船隻壓艙水才進入葡萄牙沿海海域。



↑以貝氏天際線 (BSP) 分析葡萄牙牡蠣及太平洋牡蠣族群的擴張歷史。(NeT代表有效族群數量)

根據分子鐘的估計，太平洋牡蠣與葡萄牙牡蠣約在270萬年前分化，時為上新世末期，地球正準備從暖期進入更新世的冰期，海水溫度逐漸降低，海平面也跟著下降，中國沿海只剩下臺灣西南海域有水，乾涸的海床阻隔了南北族群，拓殖於北太平洋較冷水域的族群因而演化為太平洋牡蠣，與留在南方海域的葡萄牙牡蠣區隔開來。兩萬年前末次冰盛期 (LGM) 之後，海水開始回漲，葡萄牙牡蠣的族群得以快速成長並往北擴張。從貝氏天際線 (Bayesian skyline plotting, BSP) 的分析可看出，臺灣的族群在1萬6000年前左右突然大幅擴張，直至7000年前海水不再上漲、海平面達到穩定高度之後，族群才漸漸回復平衡；中國東南沿海的族群則較晚近 (約6000年前) 才經歷族群擴張 (上圖)。

以族群變異分布檢測 (mismatch distribution) 來分析臺灣及中國東南沿海葡萄牙牡蠣族群的擴張，也符合上述推論。臺灣的族群呈現單峰分布 (unimodal distribution)，表示族群曾經歷大幅擴張；中國的族群則呈現負二項分布 (negative binomial distribution)，意味著族群正在或才剛經歷瓶頸效應 (bottleneck effect)，推測可能是在LGM之後，葡萄牙牡蠣往北拓殖的過程中，有些基因型未保留在新族群中，遺傳變異性降低，族群成長因而受限。族群的瓶頸效應也反映在基因型與核

苷酸多樣性的差異；總體而言，葡萄牙牡蠣的族群基因型多樣性高、核苷酸多樣性低，表示族群快速擴張時累積的很多變異都沒有留下來。

從目前的研究來看，臺灣的確很有可能是葡萄牙牡蠣的原鄉，但陳昭倫表示，未來有機會希望可以到臺灣以南的大陸型島嶼沿岸採集樣本，以更完整拼湊葡萄牙牡蠣的拓殖歷史。



臺灣海峽隔出獨特基因庫

族群歷史雖有待進一步查證，不過陳昭倫團隊比對了臺灣與中國東南沿海各族群的遺傳結構，發現兩岸族群確實有顯著差異，也暗示臺灣海峽對於東西向基因交流具有阻隔作用，推測主要是受到洋流影響。

冬季時，中國沿岸流南下，進入臺灣海峽澎湖水道前會遇到雲彰隆起，由於流速較慢，一般若沒有增強東北季風的推力輔助，必遭該地形擋下，澎湖北邊有道攝氏16~17度冬季平均溫的水線便是因此而來。陳昭倫長年研究澎湖到金門一帶海域的生物分布差異，發現金門海域的水溫較澎湖海域來得低，且同個物種在兩棲地的族群具有不同基因型，例如同樣生長在近岸淺水處的三棘蟹 (*Tachypleus tridentatus*)，族群遺傳的分析結果即近似葡萄牙牡蠣。

以往的研究多著重分析南海與東海南北族群間的基因交流，也認為中國沿海的族群基因型呈現較均質的分布，沒想到窄小的臺灣海峽，竟會是影響海洋生物演化的重要天然屏障。臺灣的葡萄牙牡蠣族群遺傳多樣性高並擁有許多獨特的基因型，如此重要的海洋資源，在面臨棲地破壞、海洋污染和氣候變遷的多重威脅下，更要加強種源保育以維持永續。

延伸閱讀

DNA barcoding reveals that the common cupped oyster in Taiwan is the Portuguese oyster *Crassostrea angulata* (Ostreoidae; Ostreidae), not *C. gigas*. *Scientific Reports*. 6(34057).

Look! 相關中研院資訊

- 中研院官方粉絲專頁
- 中研院科普平臺「研之有物」

