



# 台灣東北部沿岸海域寡毛亞綱纖毛蟲種類組成及分布

蔡綺勳<sup>1</sup>、蔡昇芳<sup>2</sup>、蔣國平<sup>1,2</sup>

1 國立臺灣海洋大學海洋環境化學與生態研究所

2 國立臺灣海洋大學海洋中心

本研究採樣時間為2012年7月、9月、10及2013年6月，依據18S rDNA序列進行種類多樣性研究，希望了解副熱帶海域寡毛亞綱纖毛蟲群集結構在時間與空間上之變化。本研究定義序列相似度達99%以上為一個OTU，共得94個OTU，其中舞毛目佔49個而寡毛目則佔45個，顯示兩族群種類數差異不大。親緣演化關係樹上舞毛目纖毛蟲主要以丁丁蟲亞目為大宗。寡毛目纖毛蟲則出現一個未知群集。由於本次是將目前所有寡毛目纖毛蟲之序列來進行比對，其與已知種完全無關，形成一個獨立群集，合理推測此一未知群集可能為一新屬。

本研究採B、D兩測站之樣本，在台灣暖水圈範圍內兩站間距離約為8.7公里。雖然在同一水圈內寡毛亞綱纖毛蟲優勢種的變化差異並不大；然而進行分析族群組成相似度時，Sorensen數值偏低(0.26±0.1)，意味著兩測站種類組成存在著明顯差異。若將各月份分開進行檢定，9月B、D兩站的族群相似度最高(0.458)，不過整體數值仍然偏低。由此可推論寡毛亞綱纖毛蟲的種類組成即使在相同環境(同一水圈)或很小之空間尺度(距離)也會產生明顯差異。由此可知纖毛蟲對環境(生物與非生物環境)變化反應非常敏感，因此群集種類組成變異性極大。

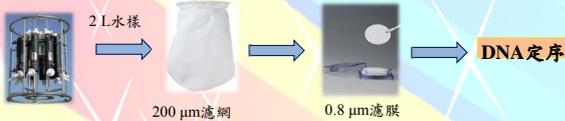
## 前言

海洋水體生態系中纖毛蟲群集以自由生寡毛亞綱纖毛蟲為主，其大小介於20~200 μm之間。由於寡毛亞綱纖毛蟲將微生物循環中的碳向上傳遞到傳統食物鏈，因此在碳傳遞上扮演著重要的角色。然而寡毛亞綱纖毛蟲其度之研究非常少，僅西北大西洋沿岸及中國黃海有相關研究文獻。對於我們身處的副熱帶海域，寡毛亞綱纖毛蟲種類組成尚未有任何研究數據呈現。本研究將進行台灣東北部沿岸海域寡毛亞綱纖毛蟲群集種類組成之研究。

## 材料與方法

本研究利用海研二號在台灣東北部基隆嶼海域進行採樣，共進行4次採樣(OR2-1884、1898、1903、1931)，分別於2012年7月、9月、10月，及2013年6月。每航次各有2個測站，靠沿岸的測站B(121°48'E, 25°10'N)，靠外洋的測站D(121°51'E, 25°14'N)，兩站之間距離約為8 km。

### 步驟



表一、利用Estimate S對不同時間、地點進行Chao 1和Shannon diversity (H')指數之分析，以了解不同月份、測站間的多樣性。

Sample	No. of clones	No. of OTUs	Chao1 (95% CI)	Shannon diversity (H')
July, B	27	18	65.18 (28.44-231.07)	2.67
July, D	35	19	30.75 (21.93-65.99)	2.72
Sep, B	47	23	37.09 (26.66-77.23)	2.93
Sep, D	55	25	72.29 (37.45-204.61)	2.76
Oct, D	51	28	54.47 (36.22-113.14)	3.06
June, B	37	21	169.86 (81.43-387.7)	2.61
June, D	41	25	64.51 (36.37-162.29)	2.97
Total	293	94	162.21 (127.1-234.54)	3.86

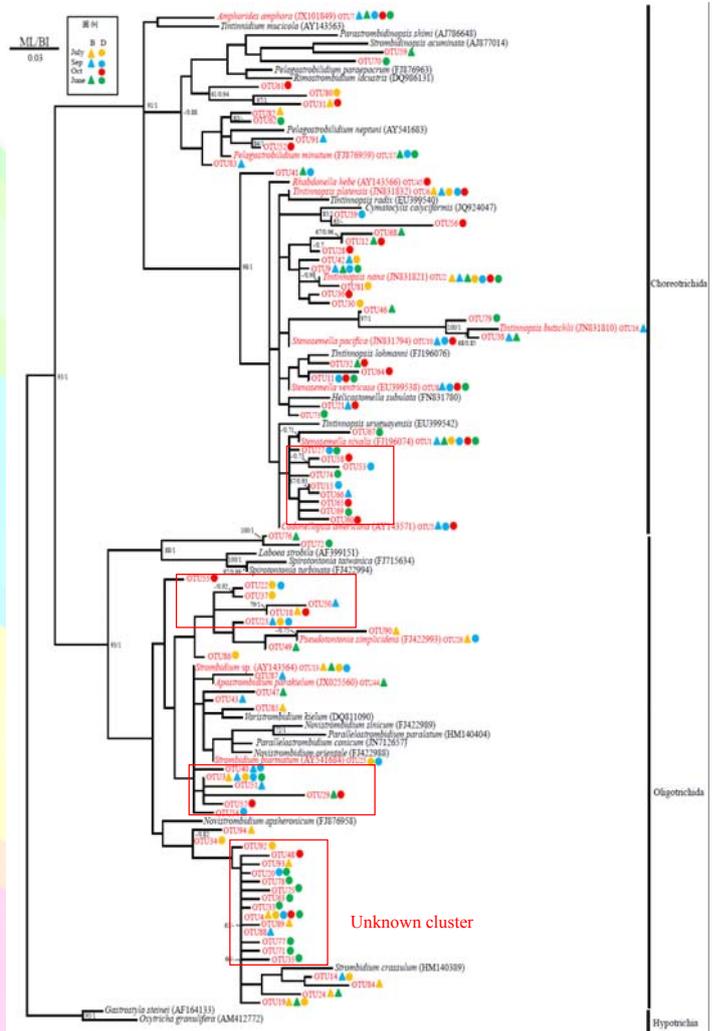
Chao1為非參數估計值(non-parametric estimator)，其值能呈現出此地應有的種類數。Chao 1數值於本研究6月B站呈現最高的估算值(169.86)，而7月D站則為最低的估算值(30.75)，顯示6月B站的多樣性程度最高，而7月D站多樣性程度最低，而Shannon diversity數值範圍介於2.61~3.06之間。其最大值出現在10月D站，最小值則出現在6月B站，而整體樣本的多樣性為3.86。

表二、利用Estimate S針對整體、不同月份及不同測站，來分析族群相似指數。

	No. of stations	Maximum spatial separation (km)	Sorensen ± SD (n)
KI, all	7	8.72	0.26±0.1
KI, July	2	8.72	0.378
KI, Sep	2	8.72	0.458
KI, June	2	8.72	0.173
KI, B	3	0	0.23±0.03
KI, D	4	0	0.28±0.12

Sorensen進行測站間的族群組成之相似程度比較，數值越大(最高值為1)表示測站間的族群相似程度越大(表二)。所有採樣點直接進行分析所得之Sorensen數值為0.26±0.1。而針對不同月份各別進行B、D測站間的族群相似程度比較，發現9月的B、D兩站的族群相似度最高，Sorensen數值為0.458，其他月份所呈現的數值仍然偏低。

由此可推論寡毛亞綱纖毛蟲的種類組成即使在相同環境(同一水圈)或很小之空間尺度(距離)也會產生明顯差異。由此可知纖毛蟲對環境(生物與非生物環境)變化反應非常敏感，因此群集種類組成變異性極大。



圖三、寡毛亞綱纖毛蟲SSU rDNA分子序列親緣演化關係樹。以最大似然法為樹的底圖，分支處顯示支持數值。前者為最大似然法(ML)，低於60不標示；後者為被似分析(BI)所得之數值，低於0.7不標示。本研究發表之序列以紅色標明。

本研究所得之舞毛目纖毛蟲族群主要以丁丁蟲亞目為主，其中又以 *Stenosemella*、*Tintinnopsis* 屬為大宗。其餘OTU分別與 *Parastrobidiopsis shimi*、*Pelagostrobilidium paraepacrum*、*Rimostrobilidium lacustris* 等已知物種有較近的親緣關係。寡毛目之OTU主要分布在3個群集下，最大群集中僅 *Strobilidium crassulum* 為已知種，其餘皆為本研究採集之OTU；次大群集則與 *Pseudotontonia simplicidens* 群聚在一起；而最小群集則為一未知類群。其餘OTU則零星分布於 *Laboea strobila*、*Apostrobilidium parakielum* 及 *Varistrobilidium kielum* 之間。

## 結論

本研究所得序列大部分以Rare OTU為主，由分子樹圖發現樣本均勻分布在舞毛目及寡毛目中，其中1)舞毛目以丁丁蟲亞目為大宗，2)寡毛目則主要分布於三個群集內，其中一個屬於未知群集，並可能為一新屬。

儘管在空間尺度較小(8.7 km)的相似環境下，族群組成的相似度並不高，由此可知纖毛蟲對環境(生物與非生物)變化反應非常敏感，因此群集種類組成變異性極大。

## 摘要

海洋水體生態系中纖毛蟲群集以自由生寡毛亞綱為主，其大小介於 20~200  $\mu\text{m}$  之間。纖毛蟲將微生物循環中的碳向上傳遞到傳統食物鏈，因此在碳傳遞上扮演重要的角色。寡毛亞綱纖毛蟲歧異度之研究非常有限，僅西北大西洋沿岸及中國黃海有相關研究。對於我們身處的副熱帶海域，纖毛蟲種類組成之研究則尚未有任何研究數據呈現。本研究於台灣東北沿岸海域進行寡毛亞綱纖毛蟲種類組成之研究，採樣時間為 2012 年 7 月、9 月、10 及 2013 年 6 月。研究方法以 18SrDNA 序列作為種類之依據以了解副熱帶海域寡毛亞綱纖毛蟲族群結構。

本研究定義以序列相似度達 99% 為一個 OTU，結果總共得 94 個 OTU。依據 18SrDNA 序列的親緣關係，可知從觀察 OTU 的數量上得知，舞毛目與寡毛目的數值是相近的(49:45)。在本次親緣演化關係樹上，舞毛目的部分主要為丁丁蟲亞目為大宗；在寡毛目則出現一個未知群集，由於本次是將目前所有寡毛目纖毛蟲之序列來進行比對，合理推測此一未知群集可能為新種。

在本次研究採樣之測站 B、D 站，兩站間距離約為 8.7 公里，且所有測點皆位於台灣暖流水團。在此範圍下，來探討纖毛蟲的優勢種變化及族群組成之相似程度。發現在優勢種的變化上差異並不大；在族群組成上，本次研究是以相似度指數 Sorensen 來進行測站間的族群組成之相似程度比較。將所有採樣點直接進行分析，所得 Sorensen 數值偏低，為  $0.26 \pm 0.1$ ，若將各月份分開進行計算，在 9 月的 B、D 兩站的族群相似度最高，為 0.458，不過整體數值仍然偏低，綜合以上，推論纖毛蟲的種類組成變化與環境(同一水團)及空間尺度(距離)無關。