

出國報告 (出國類別：研究)

養殖文蛤遺傳資料分析及產業應用

服務單位：行政院農業委員會水產試驗所

姓名及職稱：黃慶輝 助理研究員

派赴國家、城市：日本東京

出國期間：111 年 7 月 5 日至 112 年 1 月 5 日

報告提交日期：112 年 3 月 20 日

「養殖文蛤遺傳資料分析及產業應用」

出國報告書

摘要

我國相關研究機構目前持續進行蔬菜及家畜之遺傳育種研究，但除了吳郭魚等大宗全球物種，其它水產種類遺傳育種研究相對較少，尤其進行貝類相關遺傳研究之實驗室更是少之又少，爰本次前往研習之實驗室為對水產遺傳研究十分專精的東京大學農學院水圈生物工學研究室，該研究室對於貝類等軟體動物之遺傳研究在世界上實屬名列前茅，研習重點為相關軟體於貝類功能性基因及海洋細菌總體基因學之應用，並將近年研究計畫所累積之相關序列資料進行較為完整之整理與分析，遺傳序列分析之等大數據之分析應用是近年進行水產生物遺傳學相關研究時不可或缺之技術，藉由此次研習，未來有助於服務機關及會內進行相關科技計畫執行，如後續協助耐候性文蛤品系之分子育種篩選工作，及配合養殖水體病原監測同時進行水體以及腸道菌之菌相組成分析等，期待研究成果能協助國內貝類養殖業改善養殖情形，朝向健康低碳養殖方向前進。

目次

	頁次
壹、研習目的-----	1
貳、研習內容-----	3
參、研習心得及建議-----	9
肆、研習照片-----	10

「養殖文蛤遺傳資料分析及產業應用」

出國報告書

壹、研習目的

本出國計畫配合行政院 5+2 產業創新推動方案中「新農業」項下「建立農業新典範」原則，及 107 年第 6 次全國農業會議「安全」主軸第 5、6、10 項決議(強化疫病監控、研發抗逆境品系、推動健康種苗等)進行規劃。

貝類為臺灣重要的養殖種類，其中文蛤(*Meretrix spp.*)為最主要之陸上魚塢養殖貝類，產量每年約在 50,000 公噸，其產值每年超過新臺幣 50 億元以上，文蛤養殖近年常遭遇突發性死亡的問題，造成死亡的可能原因有溫度變化、強降雨造成鹽度變化、病原體造成的疾病感染及污染造成水質惡化或優養化等問題，這些問題的發生也顯示氣候變遷劇烈的環境下，如欲維持養殖產業發展，具抗逆境特性之貝類之選種、育種，及以微觀基因體角度分析養殖環境變化等，皆為十分重要的工作。

另一方面，因應分子生物學及遺傳學分析技術的發展，基因體相關研究在水產資源管理、海洋生態、養殖育種及水產品安全等相關研究領域皆受到重視，且以往需要龐大時間與預算之全基因體定序(Whole Genome Sequencing)，因能在短時間內大量定序的次世代定序技術(Next-Generation Sequencing, NGS)的問世，大幅降低了定序成本，水產生物之基因體研究也逐漸轉向為以大量定序資料作為研究基礎的大數據時代，水生生物為因應生存環境的多樣化適應模式，除用來發掘對於人類生活有用之新物質及促進相關新產業的發展外，亦為基因體及遺傳學等相關研究資源的寶庫。

水產養殖因其產業特性，除吳郭魚等世界性養殖物種有較顯著品系建立外，我國大多水產養殖物種，尤其是貝類，大都仍在將未挑選性狀之個體，直接引入養殖環境進行繁殖、育苗及育成之階段，因此要進行品種改良及分子育種，其難度相對高，需

先對貝類養殖遺傳相關分析技術進行根基性之儲備，並進行貝類功能性基因資料庫之建立，後續方能加速進行所需養殖貝類品系(如具耐候特性)之培育工作，且目前國內關於貝類功能基因之相關研究也較為稀少，所以本次前往日本東京學習如何更有效率規劃及運用分析貝類功能性基因序列資料之技術，並對於近年累積之次世代定序文蛤轉錄體資料進行實地分析操作。

運用分子生物技術進行養殖環境監測方面，臺灣文蛤養殖有使用光合菌或益生菌等微生物製劑改善水質及文蛤抵抗力之習慣，但施用微生物製劑對於文蛤養殖環境及文蛤個體之影響等仍有待探討。本次前往之實驗室除具貝類功能性基因之研究經驗外，也持續進行海水微生物組成之總體基因學相關研究，本次研習亦擬活用此次機會，一併學習精進環境微生物總體基因學分析技術及應用方式，共同為改善文蛤養殖環境盡一份心力。

貳、研習內容

一、行程

本次赴日本東京大學執行「養殖文蛤遺傳資料分析及產業應用」行程如下：

時間	地點	內容
7月5日	臺北松山機場口 東京羽田機場	由臺北松山機場搭乘華航至東京羽田機場。
7月6日至10月30日	東京大學農學院 水圈生物工學研究室	對近年研究計畫之文蛤基因序列資料做綜整性之熱休克蛋白基因群分析，挑選適當之育種候選基因。
10月31日至11月29日	東京大學農學院 水圈生物工學研究室	精進養殖環境及腸道微生物總體基因學分析技術及應用方式。
11月30日至12月2日	千葉幕張展覽館	參加2022日本分子生物學會，進行海報發表。
12月3日至1月4日	東京大學農學院 水圈生物工學研究室	完成相關基因體數據分析、整理撰寫本計畫研究報告。
1月5日	東京羽田機場口 臺北松山機場	由東京羽田機場搭乘華航至臺北松山機場。

二、內容重點

(一)研習對象實驗室簡介

我國相關研究機構目前持續進行蔬菜及家畜之遺傳育種研究，但除了吳郭魚等大宗全球物種，其它水產種類遺傳育種研究相對較少，尤其進行貝類相關遺傳研究實驗室更是少之又少，本次前往研習之實驗室為對貝類遺傳研究十分專精的東京大學農學院水圈生物工學研究室，該實驗室於 1995 年開設，在 2009 年由渡部終五教授交棒給淺川修一教授擔任研究室主持人至今。其研究重心以水產生物之基因以及蛋白質研究為主，以魚類、貝類與浮游生物為主要研究對象，海洋是生命的故鄉，在海裡有代表不同演化階段的各種生物生活，這些生活在包含湖泊與河川的水圈環境裡的生物因演化獲得了對各種環境的適應能力並發展出了獨自的生活形態。對水產生物的生理構造與機能的基因比較分析除了分子演化機制之外，同時也暗示了人類與水圈環境間必然存在的相互關係，該研究室對基因序列及所轉譯的功能性蛋白質進行有關發生、成長、適應、生殖與老化之現象分析，並極力擴展相關研究成果應用於水產養殖等產業。

該研究室也是世界上貝類基因遺傳研究的先驅，於 2012 年與沖繩科學技術大學院大學、三重大學及日本水產綜合研究中心共同於 DNA Research 發表了珠母貝 (*Pinctada fucata*) 之全基因組定序，為世界上第一個發表的軟體動物門全基因組定序研究，因珠母貝為日本重要之經濟養殖貝類，該實驗室也持續進行相關研究，如發表於 RNA Biology，探討貝類 MiRNA 基因家族之發現及功能性，及於 Frontiers in Marine Science 對於珠母貝之小分子 RNA 及相關功能性基因之研究等，由相關研究發現相關功能性基因及 MiRNA 具抗寄生蟲等病原體之功能，後續亦將運用相關成果持續進行抗病或可生產不同顏色珍珠之珠母貝的育種或是養殖用抗寄生蟲 RNA 藥物之開發。本次短期研習亦仰賴該實驗室身為世界貝類遺傳基因研究翹楚之豐富經驗，協助本人近年研究定序之文蛤基因序列資料做綜整性分析，挑選適當之育種候選基因，

後續配合本所之文蛤品系建立研究。

另該實驗室亦有進行總體基因學(metagenomics)之相關研究，近期研究於 Scientific Report 發表，探討鄰近日本太平洋區域微生物種類之時序變化，與以往之總體基因學相關研究不同，該研究運用定時收集樣本分析，建立新的時序列環境基因資料庫，大幅增加資料的廣度，並開發應用該資料庫預測海洋藻類密度等新技術，本次研習亦一併學習精進環境微生物總體基因學分析技術及應用方式，後續亦將配合應用所學於本所相關養殖水質監測研究計畫。整體而言，該實驗室位於世界貝類遺傳基因研究之尖端，與本計畫之研究方向及構想亦十分契合，預期有許多學習及交流之處，後續也希望能建立長期之合作研究關係。本次研習仰賴淺川教授的大力支持，在百忙之中仍撥冗不遺餘力的指導，且抱持著開放的態度鼓勵本人與實驗室各成員進行學術上的討論與交流，使這次研習能夠順利完成目標。

(二)學習文蛤育種相關功能性基因之序列遺傳分析技術

筆者近年研究其中一個主要方向為運用新型定序技術進行文蛤轉錄體(transcriptome)之相關研究，廣義之轉錄體係指一固定生理條件下，細胞內所有轉錄產物的總和，狹義係指細胞內所有 mRNA 的總和，過去常以微晶片陣列(microarray)來進行功能性基因的定量熱點分析 (hot spot analysis)，近年對轉錄體使用新型定序法分析時，可擴展為進行全面的功能性基因比對研究，並針對同一種類在不同生理階段、不同組織或不同生存環境取樣，觀察整體功能性基因的表現差別性，惟必須注意取樣時期的代表性、差異處理與試驗重複數的適宜性、樣品比較分析前須進行常態化步驟(normalization)等。因轉錄體分析需定序的序列數量較全基因組定序為少，相對較省時間與成本，且因目標為轉錄產物，可有效針對功能性基因進行研究，因此目前廣泛用於各種生物體之功能性基因研究，於水產研究上亦已應用於多種魚類、蝦類及

幾種貝類，如吳郭魚、石斑魚及白蝦之育種基因標記等。

但由新型定序技術所得的大量轉錄體序列資訊，必須經過後續生物資訊處理過程，才能獲得可進行應用的資料，此過程一般包含：a.將獲得的序列資料進行品質管控篩選獲得正確序列資料。b. 將序列資料進行比對(alignment)、組裝(assembly)與獲得序列次數計算 (read count)。c. 將組裝好的序列與現有之序列資料庫比對，確認其完整性及正確性；d. 基因功能性註解 (gene annotation)，對照現有之功能性基因資料以推測該序列為何基因之可能性最高。e. 後續實證及相關試驗分析等。

著眼於大量定序數據結果後續分析之重要性，本次研習行程亦特地請教水圈生物工程研究室的吉武和敏助理教授，吉武老師其專長在於序列分析，且自行編寫次世代定序分析用之軟體 Portable Pipeline，該軟體之最大特性為，只要記憶體足夠，一般工作用的電腦即可執行該程式進行分析，且不需要使用 Linux，一般廣泛商用化之作業系統如 Windows 或 MacOS 皆可以使用，大大地增加了數據分析之便利性，也降低了分析電腦配備要求之門檻，是非常具有前瞻應用性之軟體。近年研究所獲得資料其分析方式尚有不足之處，需要將目前資料做更有效之分析及探討整理，本次運用 Portable Pipeline 重新分析，資料經重新組裝、比對以及註解。本次研習主要目標功能性基因為文蛤之熱休克蛋白(Heat Shock Protein, HSP)相關基因，熱休克蛋白可提高細胞因應外界刺激的防禦能力，包含溫度鹽度及病原體等外界緊迫因子，其中以 *HSP70* 基因群之相關研究最多，貝類在遭遇高溫等逆境時 *HSP70* 基因表現量亦會提升，往年對於文蛤轉錄體研究之初步分析結果亦有找到熱休克蛋白相關序列，但於後續分析及成果展現上尚有改進之處，本次完成註解 74 個 *HSP70* 相關序列，且序列長度有 70%以上都超過 1000 bp，較之前之分析結果完整(以同樣一組資料分析，往年計畫完成註解僅 48 個 *HSP70* 相關序列，最長長度大約在 500 bp 左右)，且 *HSP70* 在文蛤肌肉、鰓以及腸道皆有不低之表現量，但有個體差異，在序列相似度方面，以

文蛤 *HSP70* 為例，其與魚類之 *HSP70* 序列相似度大約在 77% 至 79% 左右。另本次分析在文蛤序列資料新找到數個 *HSP20* 序列以及 *HSP90* 序列，*HSP20* 曾在簾蛤科做過相關試驗，在芳香烴及銅離子存在環境中時其表現量會顯著增加，認為具有對抗逆境壓力以及解毒等作用，另外 *HSP90* 在貝類進行過相關實驗，在簾蛤養殖溫度上升時以及於河蚬水中重金屬離子濃度提升時其表現量亦有顯著上升。本次研習成果後續將配合本所近年持續進行之文蛤品系建立研究，比較不同品系間 *HSP* 相關基因於逆境時之表現量，協助耐候性文蛤品系之分子育種篩選工作。

(三) 精進養殖環境及腸道微生物總體基因學分析技術及應用方式

此一部份之研習主要目的為瞭解市售光合菌製劑施放後對文蛤腸道及養殖環境細菌組成之影響，臺灣文蛤養殖近年常遭遇突發性死亡的問題，造成死亡的可能原因可能有高溫、強降雨、疾病、污染、優養化及細菌感染等，但水生動物細菌感染之相關研究大多於水生動物感染死亡後進行，對水生動物尚未感染時的體內細菌組成並無太多了解，另一般文蛤養殖使用之市售微生物製劑使用之菌種多樣，包含紅螺菌科 (*Rhodospirillaceae*)、醋桿菌科 (*Acetobacteraceae*)、慢生根瘤菌科 (*Bradyrhizobiaceae*)、生絲微菌科 (*Hyphomicrobiaceae*)、紅菌 (*Rhodobiaceae*)、乳酸桿菌科 (*Lactobacillaceae*)、腸球菌科 (*Enterococcaceae*) 等。傳統上對於水產生物的腸道環境細菌之研究，以直接從水產生物組織萃取細菌後進行培養後，再以種類辨識等方式以瞭解腸道環境細菌的多樣性。此方式之缺點在於，有許多細菌不易於人工環境內培養，造成以細菌培養為主軸之研究方式難以反應環境中之細菌多樣性。

近年因應分子生物學技術之進展，腸道環境細菌多樣性之研究逐漸朝向總體基因體學的方式，總體基因體學之名詞概念最早於 1998 年提出，意指直接研究環境中全部微生物群落之基因，而非於實驗室中進行單一細菌物種純化與培養的研究方式，隨

著定序技術的進步及費用的降低，相關研究能比以前更大規模且深入的方式進行，近期總體基因學之研究方式主要是運用基因霰彈槍(shot gun)及基因定序之方式，以期能在一個環境樣本中獲得大量且偏誤較少之細菌群體序列資料。除為了瞭解投餵益生菌後文蛤腸道菌相分析變化外，本次研習也學了以下分析技術及運用方式：1.運用定序菌相結果，依文蛤腸道細菌比例預測文蛤腸道菌相化學作用，如氨的氧化、亞硝酸鹽氧化以及硝化作用等，結果顯示加入光合菌粉後文蛤腸道菌相改變，上述相關化學作用皆有所提升。2. 依菌相種類不同繪製分群樹(Phylo tree)，結果顯示加入菌粉前及加入之後其菌相有大幅變化。後續亦將配合應用本次應用所學於本所相關的養殖水質監測研究計畫。

(四)參加 2022 日本分子生物學會年會

本次研習期間有機會以張貼海報方式參與日本分子生物學會年會，發表題目為「Thermophilic and nitrogen fixing bacteria in gut of hard clam (*Meretrix* spp.) from Tamsui, Taiwan.」，該會議今年於 11 月 30 日至 12 月 2 日於日本千葉縣海濱幕張展覽館舉辦，為日本分子生物最大層級的研討會，每年參與人數超過 7000 人，為日本最大規模的生物相關學會之一，其內容包含分子生物各領域，包含水產養殖相關技術應用之國際學術研討會，除日本外亦有各國學者參與，透過本次會議與國外研究者交流討論相關研究心得，並透過學會中的各式發表瞭解整個分子生物學界的大趨勢以及最新發展，受益良多。

三、研習心得及建議事項

- (一)日本目前水產養殖也開始走入功能性基因研究以及分子育種的下一步，其對於水產相關研究以及人才的資源投入以及專注是十分值得借鏡，尤其以序列分析等資訊分析技術及人才已成為不可或缺之一部份，惟相關的生物資訊分析人才培育需要時間，也建議國內相關領域的學術單位對於培育人才方面能有較為持續的投入培養，使未來進行相關研究時能保持研究量能順利推動。
- (二)本次參加日本分子生物學會，瞭解到日本大規模學會即使參與人員以日本國內為主，仍盡力朝向國際化發展，如以英文作為學會之主要語言，並廣邀海外學者進行演講，以吸引海外研究者參加，並鼓勵本國學生以英語發表研究等，相關辦理模式，可作為國內學界以及研究單位參考。
- (三)因應 COVID-19 疫情，本次研習之水圈生物工學研究室也進行許多調整，如實驗室會議及進度報告改為線上會議，並導入實驗排班制等制度，盡量減少群聚並盡力維持實驗室運作效率，近期世界逐漸擺脫疫情影響，惟相關運作制度可作為因應緊急狀況時人力調配參考。
- (四)本次研習也運用空檔時間前往日本國立科學博物館、水族館以及動物園等地點參觀，到日本一直致力於提升相關展示水平，定期舉辦特展，也能夠一直吸引民眾前往參觀，另外在相關展覽也強調國內研究者的各樣貢獻，將科學教育融入生活，令一般民眾瞭解生物學研究其實是很貼近生活的一件事，無形中也提升民眾政府對於相關科技研究投入的支持，值得我國相關單位借鏡。

四、研習照片

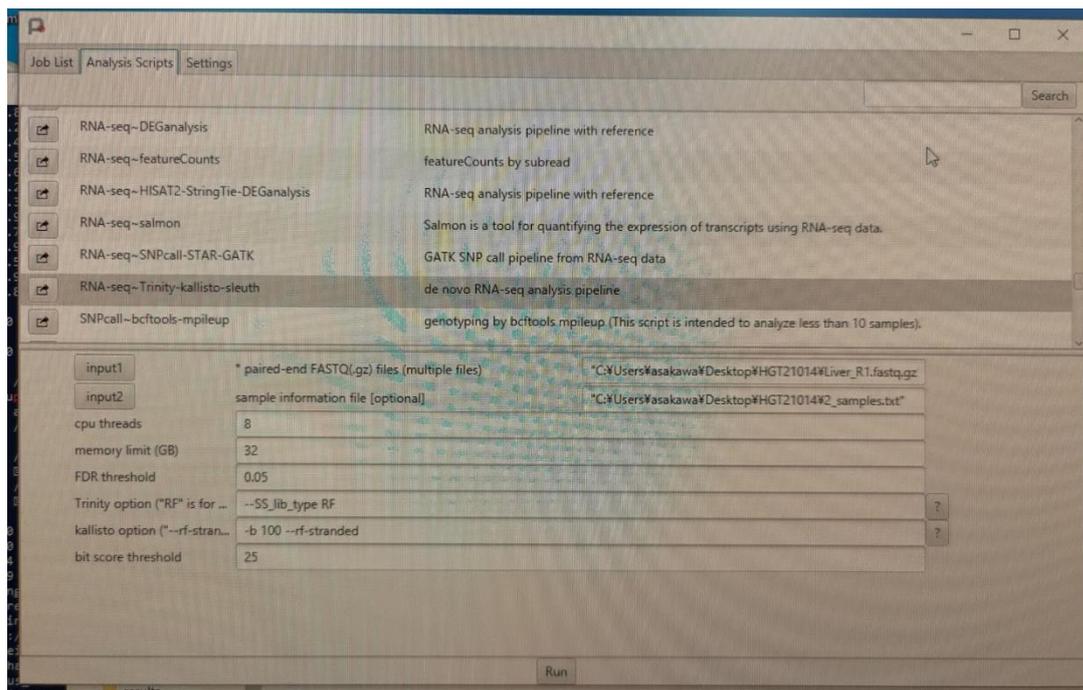


圖 1、本次研習主要使用軟體 Portable Pipeline 之使用介面。

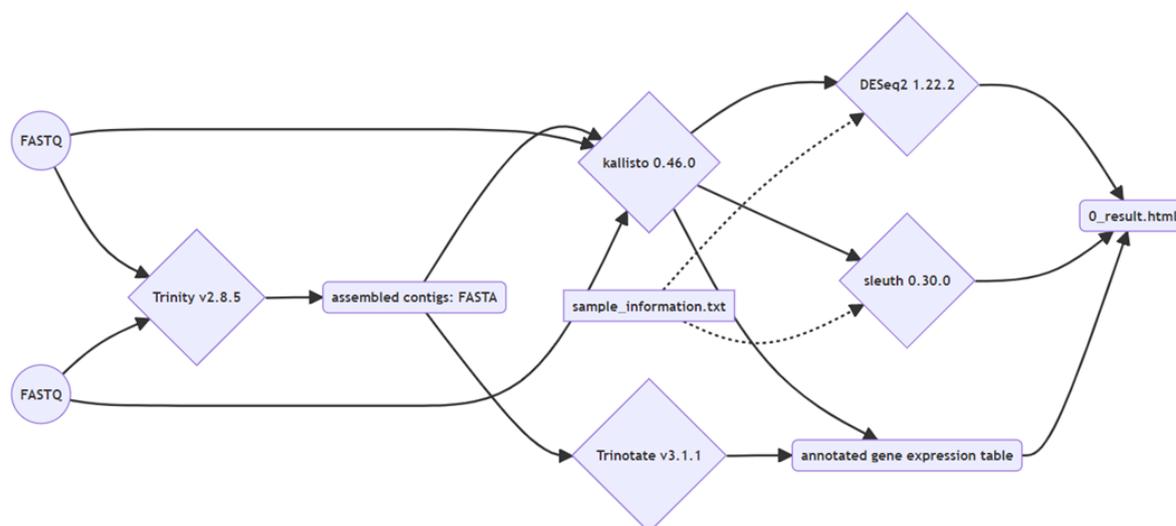


圖 2、本次研習中運用 Pipeline Portable 對於文蛤轉錄體之分析流程。

transcript_id	Clam_A_foot_1.fq.gz	Clam_A_gill_1.fq.gz	Clam_A_gut_1.fq.gz	Clam_B_foot_1.fq.gz	Clam_B_gill_1.fq.gz	Clam_B_gut_1.fq.gz	Clam_A_foot_1.fq.gz	Clam_A_gill_1.fq.gz	Clam_A_gut_1.fq.gz	Clam_B_foot_1.fq.gz	Clam_B_gill_1.fq.gz	Clam_B_gut_1.fq.gz	#gene_id	sprot_To
	z (counts)	(counts)	(counts)	(counts)	(counts)	(counts)	(TPM)	(TPM)	(TPM)	(TPM)	(TPM)	(TPM)		
TRINITY_D	47761.5	33890	44097.4	31705.2	17293.9	26119.4	1057.68	697.461	962.747	680.616	399.919	549.969	TRINITY_D_HSP7C	
TRINITY_D	57698.3	28143.9	52862.4	18341.6	12197.6	14484.2	1315.06	596.035	1187.65	405.169	290.314	313.84	TRINITY_D_HSP7C	
TRINITY_D	0	0	6.96876	16297.7	6860.38	14853.5	0	0	0.155602	357.805	162.272	319.863	TRINITY_D_HSP7C	
TRINITY_D	7.11343	0	0	15456.4	6322.55	14678.5	0.157015	0	0	330.732	145.733	308.072	TRINITY_D_HSP7C	
TRINITY_D	10395.5	7382.56	12758	37209.4	20940	32303.6	77.3674	51.2429	93.9359	269.569	162.687	229.404	TRINITY_D_HS90A	
TRINITY_D	11.4089	11.4211	0	9619.57	3851.58	7602.74	0.279294	0.25969	0	228.132	98.4657	176.867	TRINITY_D_HSP7C	
TRINITY_D	535.141	294.817	265.605	6669.1	3192.91	6469.84	12.1272	6.20818	5.93336	146.485	75.5595	139.39	TRINITY_D_HSP7C	
TRINITY_D	0	12351.8	0	2733.34	1123.33	1700.69	0	367.25	0	84.7366	37.6273	51.7352	TRINITY_D_HSP7C	
TRINITY_D	0	0	0	3562.21	1545.04	2746.73	0	0	0	77.7647	36.3379	58.8151	TRINITY_D_HSP7C	
TRINITY_D	951	782	1062	1828	1008	1078	18.7556	14.3411	20.6608	34.972	20.7583	20.2265	TRINITY_D_HS12B	
TRINITY_D	168.715	437.819	265.485	1608.03	965.612	744.082	3.40935	8.22597	5.29152	31.5171	20.3754	14.3034	TRINITY_D_HS12B	
TRINITY_D	2123.5	2642.98	28.4269	2747.11	1951.69	75.4156	23.9915	27.8232	0.317448	30.1793	23.0205	0.812267	TRINITY_D_HS12A	
TRINITY_D	0	9.76848	0	3630.35	4114.46	2328.02	0	0.0724769	0	28.1126	34.1738	17.6718	TRINITY_D_HS12B	
TRINITY_D	311.357	538.357	146	920.641	528.885	397.045	7.95785	12.7768	3.67591	22.788	14.1168	9.64098	TRINITY_D_HS12B	
TRINITY_D	519	2247	652	373	1230	773	32.9372	131.219	40.3993	22.6825	81.5884	46.1862	TRINITY_D_HSPB1	

圖 3、Pipeline Portable 分析結果 1 例(以熱休克蛋白為例)。



圖 4、水圈生物工學研究室之研究對象物種，珠母貝(*Pinctada fucata*)，目前主要的研究方向之一為比較可產生不同顏色珍珠的深色品系(右上 1,2、右下 1)與淺色品系(左上 1、左下 2,3)其基因表現之差異相關研究。



圖 5、深色品系珠母貝之解剖，可看見貝殼內側之珍珠層。



圖 6、淺色品系珠母貝之解剖，可看見其殼色以及外套膜與深色品系有所差異。

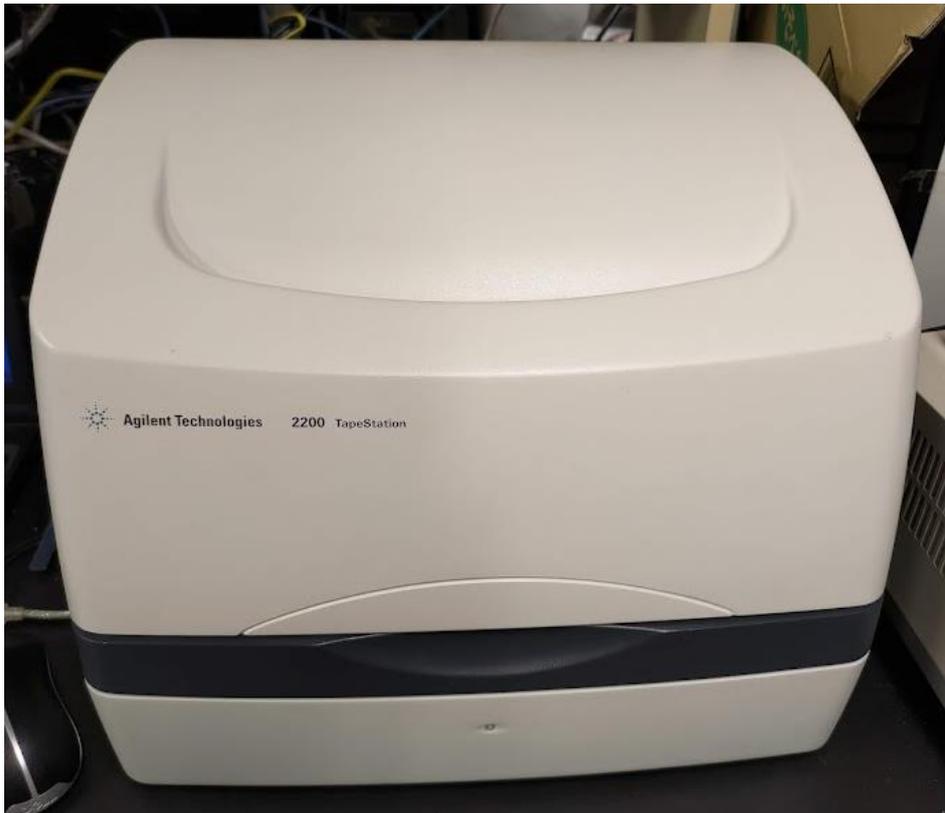


圖 7.研究室萃取核酸後測定濃度用的儀器 TapeStation。

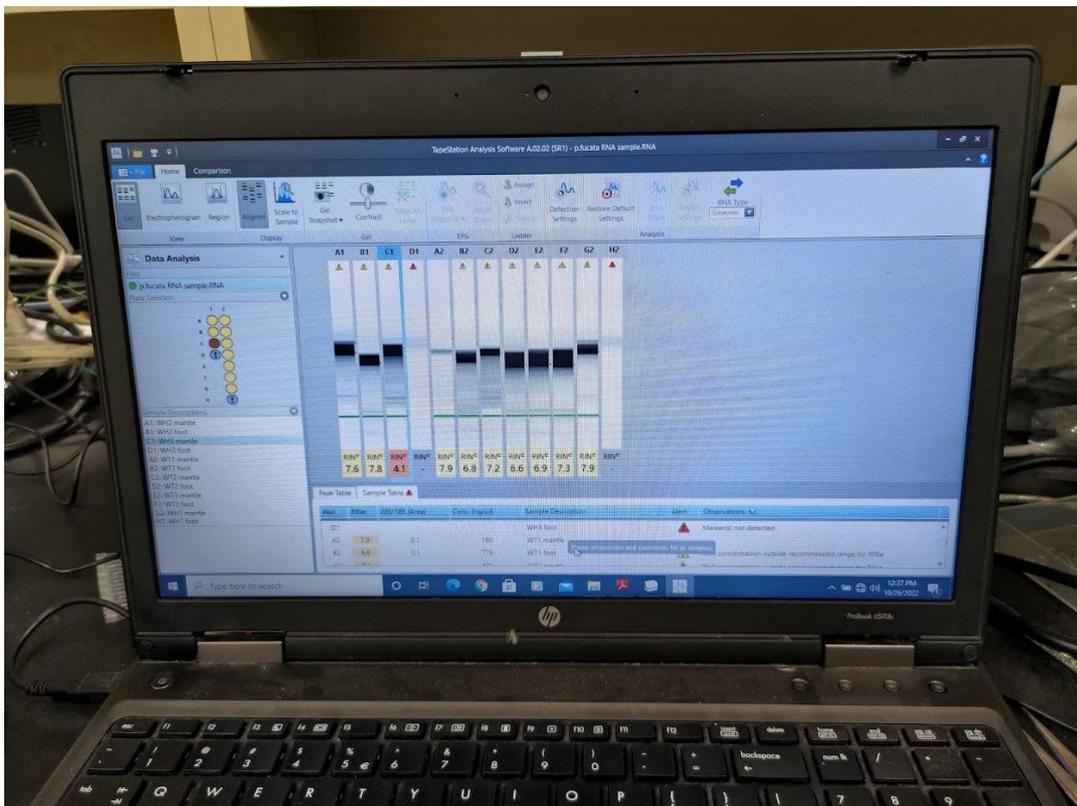


圖 8.運用 TapeStation 測定由珠母貝萃取的核酸濃度，其原理是運用毛細管電泳進行精確的濃度測定，可用於監測定序前核酸的品質。



圖 9. 該研究室研究對象之一的豬鼻龜(*Carettochelys insculpta*)，為唯一完全水生的淡水龜類。



圖 10. 該研究室研究對象之一的眼斑多葉鰓(*Plakobranthus ocellatus*)，這類海蛞蝓具備將攝食藻類中的葉綠體吸收至體內細胞之能力，且這些葉綠體可在海蛞蝓體內維持光合作用活性達數個月。



圖 11.該研究室飼養的不同品系斑馬魚(zebrafish)，研究室一個主要的研究方向是以魚類為模式動物研究影響脊椎動物壽命的相關功能性基因。



圖 12.該研究室飼養的青鱗魚(medaka)，以錄影機監測計算每條魚的壽命長短，並評估不同壽命的魚，其子代壽命相關基因的表現量差異。



圖 13. 培育作為飼養的斑馬魚及青鱗魚飼料的豐年蝦苗。



圖 14. 參加 2022 年日本分子生物學會，是日本最大規模的生物相關學會之一。



圖 15. 本次學會會場在日本千葉縣幕張展覽館國際展示場，主題意象為古羅馬民眾討論議題的城市廣場。



圖 16. 國際展示場占地廣闊，總面積超過 210,000 平方公尺，本次分子生物學會參與人數也超過 7,000 人。

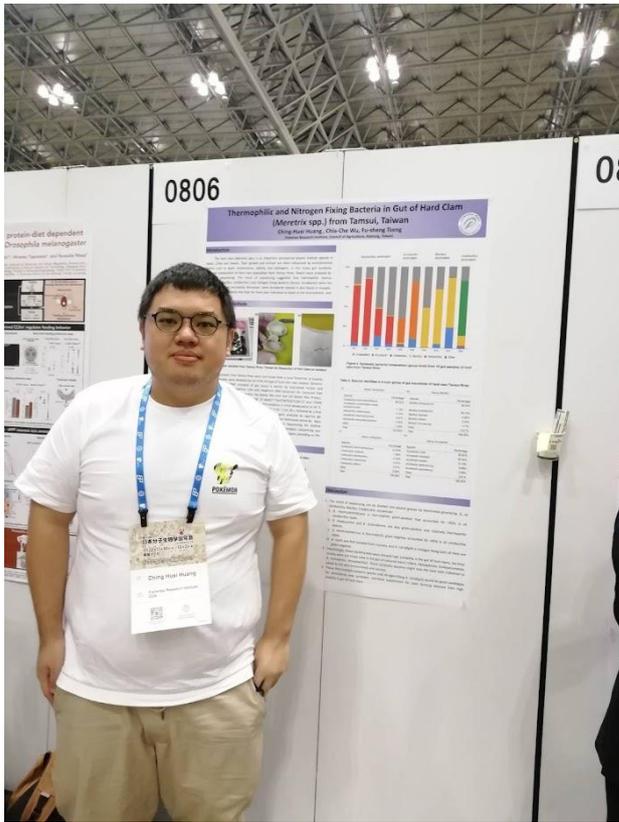


圖 15.筆者參加 2022 年日本分子生物學會，進行海報發表。



圖 16.參加 2022 年日本分子生物學會，與各國參與者討論並合影。



圖 17. 本次學會贊助廠商所展示的模式動物爪蟾(*Xenopus*)之幼體。



圖 18. 參觀比爾蓋茲也曾經到訪過的東京目黒寄生蟲博物館。



圖 19. 寄生在沙氏下鱗(*Hyporhamphus sajori*)鰓部的沙氏彎體水虱(*Mothocya sajori*)。



圖 20. 幼體寄生在櫻鱒類鰓部的淡水珍珠蚌(*Margaritifera laevis*)。



圖 21. 寄生於小鬚鯨胃部的海獸胃線蟲(*Anisakis simplex*)。



圖 22. 由吃了含日本海裂頭條蟲幼蟲(*Diphyllobothrium nihonkaiense*)寄生的鱒魚生魚片被感染的 40 歲男性，吃了驅蟲藥後排出的日本海裂頭條蟲成體，僅 3 個月內由數公分的幼體成長至 8.8 公尺長。

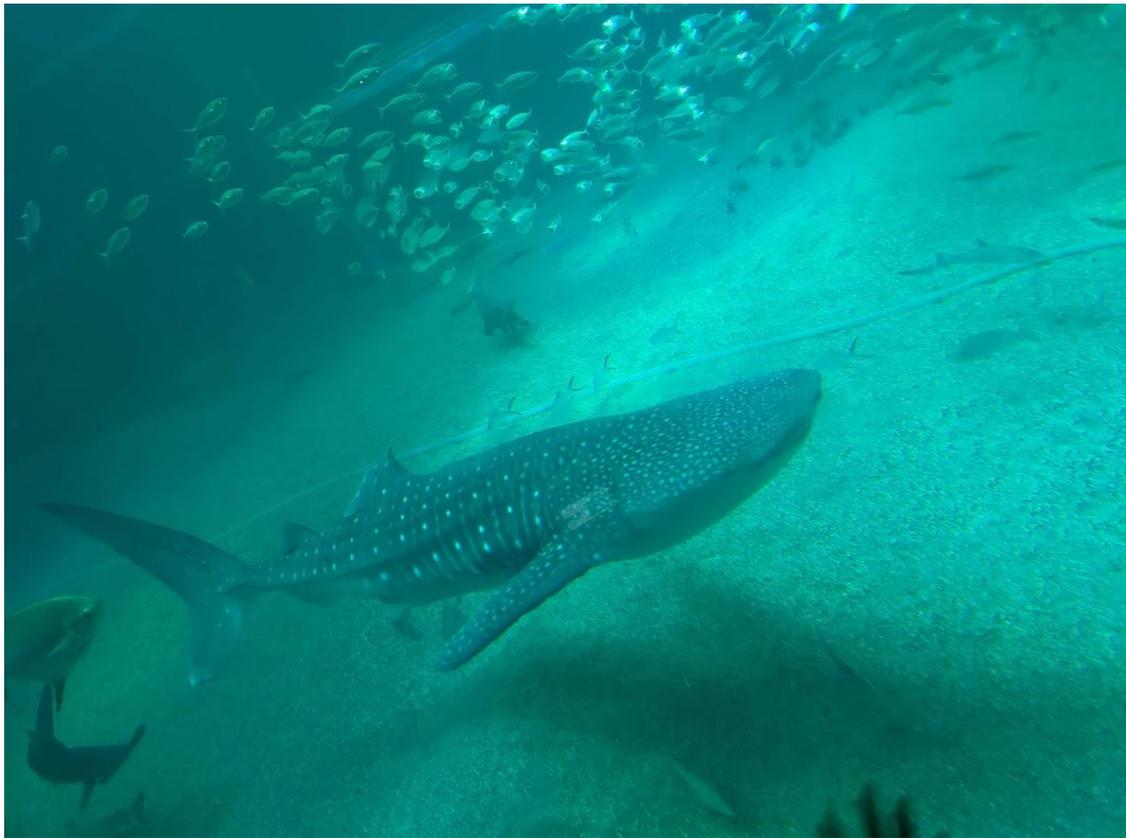


圖 23.大阪海遊館水族館可容納鯨鯊游泳的超大型水槽。

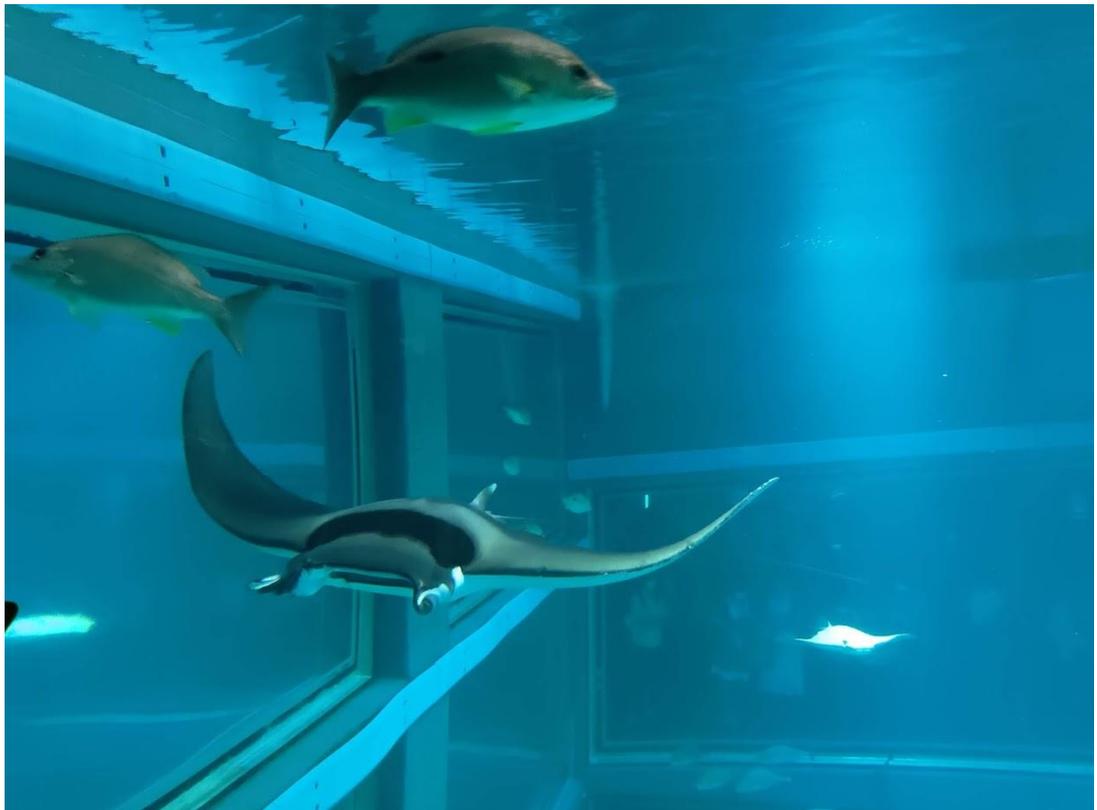


圖 24.海遊館水槽裡面除了鯨鯊也有鬼蝠魟等大型軟骨魚類。



圖 25. 東京上野國立科學博物館「毒」特展，說明河豚體內河豚毒(TTX)產生的機制，以及河豚運用嗅覺感知 TTX，且對於含 TTX 的食物有很強的偏好。



圖 26.東京上野國立科學博物館「毒」特展，玫瑰毒魮(*Synanceia verrucosa*)其毒棘具神經毒，為毒性最強的刺毒魚類。



圖 27.東京墨田區水族館的橫帶園鳗(*Gorgasia preclara*)。



圖 28.東京墨田區水族館的波紋唇魚(*Cheilinus undulatus*)，俗稱龍王鯛。



圖 29.2022 年 8 月與水圈工學研究室同仁餐敘。



圖 30.完成半年研習，與研究室負責人淺川老師以及同仁餐敘。