

# セミエビ科フィロソーマ幼生の同定. 9. カブトヒメセミエビ属(*Galearctus*)の未同定種

## Identification of phyllosoma larvae of the slipper lobster (Family Scyllaridae). 9. An unidentified phyllosoma larva of the genus *Galearctus*

張 成年・柳本 卓 Seinen Chow<sup>1,2\*</sup>, Takashi Yanagimoto<sup>3</sup>

<sup>1</sup>水産技術研究所, 横浜市金沢区福浦 2-12-4 <sup>2</sup>アクオス研究所, 八王子市元八王子町 3-2153-79 <sup>3</sup>水産資源研究所, 横浜市金沢区福浦 2-12-4 <sup>1</sup>Fisheries Technology Institute, Japan Fisheries Research and Education Agency, 2-12-4 Fukuura, Yokohama, Kanagawa 236-8648, Japan, <sup>2</sup>Aquos Institute, 3-2153-79 Motohachioji-

Fukuura, Yokohama, Kanagawa 236-8648, Japan, <sup>2</sup>Aquos Institute, 3-2153-79 Motohachiojicho, Hachioji, Tokyo 193-0826, Japan, <sup>3</sup>Fisheries Resources Institute, Japan Fisheries Research and Education Agency, 2-12-4 Fukuura, Yokohama, Kanagawa 236-8648, Japan.

\*Corresponding author; e-mail: chow@affrco.go.jp

#### Abstract

Of scyllarine phyllosoma larvae collected in the western North Pacific, a larva with a large body length (28.1 mm) for a subfinal stage and having a large kidney-shaped cephalic shield was selected. Mitochondrial 16S rDNA and COI sequence analyses indicated this larva to belong to the genus *Galearctus* but failed to identify species. We tentatively designated the species of this larva as *Galearctus* sp-A.

Key words: scyllarine phyllosoma larva; *Galearctus*; DNA barcoding; morphology; unidentified larva

#### 緒言

前報では頭甲部がタマネギ形 (onion-shape) を呈する個体を取り出し分析した結果、カブ トヒメセミエビ属 (Galearctus)の1 種 Galearctus lipkei であることを報告した (Chow and Yanagimoto 2022)。G. lipkei の最終期幼生 は体長が35 mm に達し、ヒメセミエビ亜科で は最大級となる。我々は北西太平洋で採集さ れたフィロソーマ幼生を選別する過程で、形 態的にはG. lipkei に似ており頭甲部が目立っ て大きく、最終前期であるが体長が28 mm に なる個体を見出した。この値はG. lipkei の最 終前期幼生のものより大きい。ここでは、こ の個体について形態観察と DNA 分析を行っ た結果を報告する。

## 材料および方法

本研究で使用したフィロソーマ幼生標本 は北西太平洋で実施された水産研究・教育機 構漁業調査船蒼鷹丸による「平成30年度黒潮 域低次生産調査・ニホンウナギ生態解明調査」 の調査航海においてIKMTネットを用いた深 度200 mからの傾斜曳きによって採集された。 調査担当者によってフィロソーマ幼生は船 上でエタノール固定され、水産資源研究所へ 輸送された。実験室においてヒメセミエビ亜 科のフィロソーマ幼生を Chow and Yanagimoto (2021)の手順に従って選別した。 その中から体長と頭甲部が目立って大きい 個体 (SY18-1)を対象とした (Fig. 1)。Higa and Shokita (2004) に従って体長 (body length: BL)、頭甲部長 (cephalic shield length: CL)、



Fig. 1. Ventral (A) and dorsal views (B) of whole body, ventral view of anterior part of cephalic shield (C), and dorsal view of posterior part of abdomen (D) of a phyllosoma specimen SY18-1 collected in the western North Pacific. Stage VIII. BL = 28.1 mm. Scale bar = 5 mm (A and B), 2 mm (C), and 1 mm (D).

Table 1. Collection information, body length (BL in mm), cephalic shield length (CL), cephalic shield width (CW), and thorax width (TW) of a scyllarine phyllosoma specimen SY18-1.

Cruise	St.	sample ID	Date	Lat. (N)	Long. (E)	Stage	BL	CL	CW	TW
SY1804	13	SY18-1	2018/9/16	31.04	137.04	VIII	28.1	17.9	25.3	9.9

頭甲部幅 (cephalic shield width: CW)、胸部幅 (thorax width: TW)を測定した。SY18-1の採 集情報及び形態測定結果をTable 1に示す。全 体を良く洗浄しDNA抽出のために胸脚の一 部を切り取った。DNA抽出はUeda et al. (2021) に従った。ミトコンドリア16S rDNA (以下16S) とCOIの部分領域をPCR増幅するためのプラ イマーは16SUFmと16SR4及びDecaCOI-20F と DecaCOI-945R を 用 い た ( Chow and Yanagimoto 2021)。シークエンス反応はUeda

et al. (2021) に従った。塩基配列のアライメ ントにはMEGA6 (Tamura et al. 2013) に実装 されているClustal Wを用いて行い、マニュア ルで微調整を行った。 配列間の 塩基置換率 (K2P distance)の計算、モデル選択と系統樹の作成にはMEGA6(Tamura et al. 2013)を用いた。DNAデータベースに登録されている塩基配列との相同性検索にはNCBI(National Center for Biotechnology Information)のBLAST(Basic Local Alignment Search Tool)を用いた。

## 結果

SY18-1 で決定した 16S 塩基配列(424 bp) と COI 塩基配列(788 bp)をデータベース (DDBJ, EMBL, GenBank) に登録した (accession No. LC729784, LC729785)。SY18-1の16S と COI 塩基配列とほぼ一致する配列 はデータベースに無かった。BLAST 検索によ



Fig. 2. Maximum-likelihood (ML) phylogenetic tree of the partial 16S rDNA sequences of scyllarine species available in the database. *Scyllarides squammosus* was used as a root. TN93+G was selected as the optimal substitution model. Accession numbers are presented in the parenthesis. Bootstrap values of > 50 % (from 1000 replicates) are shown at each node.



Fig. 3. Maximum-likelihood (ML) phylogenetic tree of the partial COI sequences of scyllarine species available in the database. *Scyllarides squammosus* was used as a root. GTR+G+I was selected as the optimal substitution model. Accession numbers are presented in the parenthesis. Bootstrap values of > 50 % (from 1000 replicates) are shown at each node.

るトップヒットは 16S と COI ともにCOI 配列そして外群としてセミエビGalearctus lipkei であり、一致率はそれぞれ(Scyllarides squammosus)の塩基配列を用い93.4%、86.3%であった。データベースに登録て作成した系統樹は SY18-1 がカブトヒメセされているヒメセミエビ亜科全種の 16S 及びミエビ属 (Galearctus) に属することを支持し、

<b>U</b> / 1	-		0					
	1	2	3	4	5	6	7	8
1. SY18-1		16.44	20.82	18.41	16.34	18.58	17.27	16.96
2. G. aurora	7.33		17.65	18.63	15.87	19.23	16.35	14.97
3. G. avulsus	7.90	6.89		17.56	21.01	16.61	19.88	17.09
4. G. kitanoviriosus	8.77	8.68	9.18		18.04	19.23	17.51	19.50
5. G. lipkei	5.26	7.10	8.36	9.28		20.70	16.48	16.99
6. G. rapanus	7.86	7.88	6.13	10.48	8.94		19.10	17.79
7. G. timidus	7.57	6.48	7.77	7.66	7.14	8.17		16.27
8. G. yuansi	8.41	7.88	9.15	10.32	8.57	11.26	9.06	

Table 2. Percent Kimura's two parameter distance (K2P) in 16S (lower diagonal) and COI (upper diagonal) sequences between species of the genus *Galearctus*.

また G. lipkei と近縁であることを示した(Figs. 2,3)。カブトヒメセミエビ属には現在 8 種が 記載されており(WoRMS 2022)、16S と COI の塩基配列データは 7 種で登録されている (Yang et al. 2012; Yang and Chan 2020; Chow and Yanagimoto 2022)。SY18-1 を含めたカブ トヒメセミエビ属種間の平均 K2P は 16S で 5.26 %から 11.26 %、COI で 14.97 %から 21.01 %であり、SY18-1 と最小値を示す種は 16S と COI ともに G. lipkei であった(それぞ れ 5.26 %と 16.34 %) (Table 2)。以上の結果 は SY18-1 がカブトヒメセミエビ属の独立し た種であることを示す。

SY18-1 には鰓原基が見られない。腹肢は明瞭に 2 分岐するがキタンヒメセミエビ

(Galearctus kitanoviriosus) や G.lipkei の最終 期(IX) 幼生(Higa and Saisho1983; Higa et al. 2005; Chow and Yanagimoto 2022)のものほど 発達していない。尾肢はよく発達し内肢の後 端は尾節後端に達するかこれを超える(Fig. 1D)。 以上のことから最終前期と考え VIII 期と判定 した。第1触角先端は第2触角先端よりやや 前に位置する(Fig. 1A, B, C)。第2触角は半 H型(→)を呈し側突起はほぼ真横に突出する

(Fig. 1C)。頭甲部は腎臓形(kidney-shape)であり、後縁は前方へ顕著に凹む(Fig. 1B)。Table
1の測定値より算出した頭甲部幅と頭甲部長の比(CW/CL)は1.41、頭甲部幅と胸部幅の比(CW/TW)は2.56、頭甲部長と体長の比

(CL/BL)は 0.64 であった。これらの値を前報の G. lipkei (Chow and Yanagimoto 2022)と比較したところ、SY18-1は CW/CLと CW/TWにおいて G. lipkei よりも大きい値を示した(Fig. 4)。また、SY18-1の体長は G. lipkeiの最終前期の体長(23.5-25.6 mm)よりも大きい(Fig. 4)。第5 胸脚先端は尾節後端に達する(Fig. 1A, B)。尾節側棘は短く、その先端は尾節後端に達する程度であり尾肢にほぼ隠れるが背側からは確認できる(Fig. 1D)。

#### 考察

現在カブトヒメセミエビ属で知られている 8種のうち Galearctus umbilicatus でのみ 16S と COI 両方の配列が登録されていない。S18-1 は G. umbilicatus のフィロソーマ幼生である可能 性はあるが、本種の成体は豪州東岸でのみ分 布が報告されており(Holthuis 1997, 2002)、北 太平洋での分布は確認されていない。そのた め現状では S18-1 をカブトヒメセミエビ属の 幼生とし、暫定的に Galearctus sp-A とする。 Chow and Yanagimoto (2022) は G. lipkei の最 終期幼生がヒメセミエビ亜科で最大級とした が、Galearctus sp-A の最終前期幼生は G. lipkei の最終前期幼生より大きい。そのため、 Galearctus sp-A の最終期幼生は G. lipkei の最 終期幼生のサイズを上回る可能性が高い。体 長が最終前期で28mm前後、最終期で35mm 前後あるいはそれ以上に達するヒメセミエビ 亜科のフィロソーマ幼生で、頭甲部が腎臓形



Fig. 4. Ratios of cephalic shield width to cephalic shield length (CW/CL: diamond), cephalic shield width to thorax width (CW/TW: circle), and cephalic shield length to body length (CL/BL: triangle) plotted against body length (BL). Open symbols are of *Galearctus lipkei* (adopted from Chow and Yanagimoto 2022) and closed symbols are of SY18-1 (*Galearctus* sp-A). These larvae are segregated into five stages (V to IX) according to the body size and morphological characteristics (see Higa and Saisho1983; Higa et al 2005; Chow and Yanagimoto 2022).

を呈し、かつ CW/CL が 1.4 前後、CW/TW が 2.5 前後という条件に該当する例は大西洋、イ ンド一太平洋を網羅する過去の研究報告には 見当たらない(Table 1 in Chow and Yanagimoto 2022)。そのため今回の未同定種の幼生だけで なく成体の分布密度も非常に低い、あるいは 分布域や生息深度が限定されているものと考 えられる。

## 謝辞

本研究で使用した標本の採集に協力いた だいた水産研究・教育機構漁業調査船蒼鷹丸 の調査関係者各位、使用した標本(NSMT-Cr30891)の保管に協力いただいた国立科学 博物館の小松浩典博士、及び本稿に対して有 益かつ貴重なご意見をいただいた2名の査読 者と東京農業大学の千葉晋編集委員に感謝 いたします。本研究は、水産研究・教育機構、 水産資源研究所の試験研究費「水産資源のゲ ノム情報の収集・管理・活用」で行われた。

#### 引用文献

- Chow, S., Yanagimoto, T. (2021). Identification of phyllosoma larvae of the slipper lobster (Family Scyllaridae). 1. General remark. Aquat. Anim. 2021: AA2021-10. (In Japanese with English abstract).
- Chow, S., Yanagimoto, T. (2022). Identification of phyllosoma larvae of the slipper lobster (Family Scyllaridae). 8. Phyllosoma larva of *Galearctus lipkei* is the largest in the subfamily Scyllarinae. Aquat. Anim. 2022: AA2022-19. (In Japanese with English abstract).
- Higa, T., Saisho, T. (1983). Metamorphosis and growth of the late-stage phyllosoma of *Scyllarus kitanoviriosus* Harada (Decapoda, Scyllaridae). Mem. Kagoshima Univ. Res. Center S. Pac. 3: 86–98.
- Higa, T., Shokita, S. (2004). Late-stage phyllosoma larvae and metamorphosis of a scyllarid lobster, *Chelarctus cultrifer* (Crustacea:

Decapoda: Scyllaridae), from the northwestern Pacific. Spec. Divers. 9: 221–249.

- Higa, T., Fujita, Y., Shokita, S. (2005). Complete larval development of a scyllarine lobster, *Galearctus kitanoviriosus* (Harada, 1962) (Decapoda: Scyllaridae: Scyllarinae), reared under laboratory conditions. Crust. Res. 34: 1–26.
- Holthuis, L. B. (1977). Two new species of scyllarid lobsters (Crustacea Decapoda, Palinuridea) from Australia and the Kermadec Islands, New Zealand. Zoologische Mededelingen 52: 191–200.
- Holthuis, L. B. (2002). The Indo-Pacific scyllarine lobsters (Crustacea, Decapoda, Scyllaridae). Zoosystema 24: 499–683.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. (2013). MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Mol. Biol. Evol. 30: 2725–2729.

- Ueda, K., Yanagimoto, Y., Chow, S., Kuroki, M., Yamakawa, T. (2021). Molecular identification of mid to final stage slipper lobster phyllosoma larvae of the genus *Chelarctus* (Crustacea: Decapoda: Scyllaridae) collected in the Pacific with descriptions of their larval morphology. Zool. Stud. 60: 75.
- WoRMS (2022). *Galearctus* Holthuis, 2002. https://www.marinespecies.org/aphia.php?p= taxdetails&id=382784. (accessed on 15 August 2022).
- Yang, C. H., Bracken-Grissom, H., Kim, D., Crandall, K. A., Chan, T. Y. (2012). Phylogenetic relationships, character evolution, and taxonomic implications within the slipper lobsters (Crustacea: Decapoda: Scyllaridae). Mol. Phyl. Evol. 62: 237–250.
- Yang, C. H., Chn, T. Y. (2020). A new slipper lobster of the genus *Galearctus* Holthuis, 2002 (Decapoda, Scyllaridae) from Madagascar. Crustaceana 93: 1462–1470.

Received: 15 October 2022 | Accepted: 22 October 2022 | Published: 1 November 2022