

石川県からクロヘリメジロザメ（メジロザメ目：メジロザメ科）の初記録

First record of copper shark *Carcharhinus brachyurus* (Carcharhiniformes: Carcharhinidae) from Ishikawa Prefecture, Japan角田啓斗¹・新田理人²・豊田賢治^{1,3,4*}
Keito Tsunoda¹, Masato Nitta², Kenji Toyota^{1,3,4*}¹東京理科大学先進工学部生命システム工学科, 東京都葛飾区新宿 6-3-1²瀬戸内寄生虫多様性研究所, 広島県広島市東区牛田本町 3-2-20-103³金沢大学環日本海域環境研究センター臨海実験施設, 石川県鳳珠郡能登町小木ム4-1⁴神奈川大学理学部理学科, 神奈川県横浜市神奈川区六角橋3-27-1¹Department of Biological Science and Technology, Tokyo University of Science, 6-3-1 Nijyuku, Katsushika-ku, Tokyo, 125-8585, Japan. ²Setouchi Parasite Biodiversity Laboratory, 3-2-20-103 Ushita-Honmachi, Higashi-ku, Hiroshima, 732-0066, Japan. ³Noto Marine Laboratory, Institute of Nature and Environmental Technology, Kanazawa University, 4-1 Ogi, Noto-cho, Hosu-gun, Ishikawa, 927-0553, Japan.⁴Department of Biological Sciences, Faculty of Science, Kanagawa University, 3-27-1 Rokkakubashi, Kanagawa-ku, Yokohama-city, Kanagawa, 221-8686, Japan.

*Corresponding author, e-mail: toyotak@se.kanazawa-u.ac.jp, Tel +81-68-74-1151.

Abstract

A carcharhinid shark was caught in a set-net fishery off Wajima City in Ishikawa Prefecture, Japan. The individual was identified as a copper shark *Carcharhinus brachyurus* based on morphological characteristics and DNA barcoding using the 12S ribosomal RNA and cytochrome *c* oxidase subunit I gene (*cox1*) regions of the mitochondrial DNA. In Japan, the copper shark has been recorded from the Sea of Japan, including the coasts of Hokkaido, Niigata and Yamaguchi prefectures; and from the Pacific coast, including the Kashima-nada Sea, the east coast of the Boso Peninsula, Sagami Bay, the Ariake Sea and the south coast of Kyushu. This report represents the first reliable record of the copper shark from Ishikawa Prefecture.

Key words: Sea of Japan; set-net fishing; DNA barcoding; the 12S ribosomal RNA; cytochrome *c* oxidase subunit I gene; Red List

緒言

クロヘリメジロザメ *Carcharhinus brachyurus* (Günther, 1870) は全世界の温帯地域に生息するメジロザメ科の軟骨魚類である (青沼ら 2013)。本種は生息個体数が減少傾向にあり、高い絶滅のリスクに直面していると考えられていることから、国際自然保護連合 (International Union for Conservation of Nature: IUCN) が作成しているレッドリストにおいて絶滅危惧種・危急 (Vulnerable: VU) に指定されている (Huvencers et al. 2020)。一方、国内において環境省が作成しているレッドリストでは、情報不足 (Data Deficient: DD) となっている (環境省 2017)。

筆者らは石川県輪島市曾々木沖にて行われた

定置網漁の水揚げを見学した際、漁獲物中にメジロザメ類を発見した。このメジロザメ類は選別によって廃棄されたものであったが、筆者らが譲り受け形態的特徴と遺伝子配列に基づき同定を行ったところ、クロヘリメジロザメと同定された。石川県におけるクロヘリメジロザメの確かな記録はなかったため、ここに石川県初記録として報告する。

材料および方法

メジロザメ類 1 個体は 2023 年 9 月 10 日に石川県輪島市曾々木沖の定置網漁で混獲された。得られたメジロザメ類の写真撮影と全長の計測の後、形態学的特徴に基づき種同定を試みた。その

後、筋肉組織の一部を冷凍保存および 99 %エタノール中で固定、保存した。エタノール固定標本は、のと海洋ふれあいセンター (NMCI, 石川県鳳珠郡能登町) に登録、収蔵された。なお、形態に基づく種同定は青沼ら (2013) と Garrick (1982) に基づき検討し、学名は本村 (2020) に従った。

本個体の DNA は冷凍された筋肉組織から DNeasy Blood & Tissue Kit (QIAGEN, Hilden, Germany) を用いて抽出し、ミトコンドリア DNA の 12S リボソーム RNA (12S) 遺伝子領域と cytochrome *c* oxidase subunit I (*cox1*) 遺伝子領域の部分配列を PCR にて増幅した。プライマーはそれぞれ MiFish-E-F (5'-GTT GGT AAA TCT CGT GCC AGC-3') と MiFish-E-R (5'-CAT AGT GGG GTA TCT AAT CCT AGT TTG-3') (Miya et al. 2015)、および FishF1 (5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3') と FishR1 (5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3') (Ward et al. 2005) のペアを用いた。PCR 反応液の組成は、鋳型 DNA 溶液 0.6 μ L、蒸留水 6.0 μ L、KOD One PCR Master Mix (Toyobo, Osaka, Japan) 7.5 μ L、プライマー (10 μ M) 各 0.45 μ L の計 15 μ L とした。PCR 増幅反応は、初期熱変性 (98 $^{\circ}$ C, 10 秒) の後、熱変性 (98 $^{\circ}$ C, 10 秒)、アニーリング (56 $^{\circ}$ C, 5 秒)、伸長反応 (68 $^{\circ}$ C, 10 秒) の 3 ステップを 35 サイクル行い、最終伸長 (68 $^{\circ}$ C, 60 秒) を行った。PCR 産物の精製には ExoSAP-IT (USB, Cleveland, USA) を用いた。シーケンス反応に BigDye Terminator Cycle Sequence Kit v3.1 (Applied Biosystems, Foster City, USA) を用い、ABI 3130xl (Applied Biosystems) を用いてシーケンスを行った。得られた波形デー

タと配列は MEGA11 (Tamura et al. 2021) を用いてアライメントと目視確認を行い、塩基配列を決定した。新規に決定した両配列の相同性検索は BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) を用いて行った (2023 年 10 月 1 日)。

結果および考察

検討個体

クロヘリメジロザメ *Carcharhinus brachyurus* (Günther, 1870) (Fig. 1)、全長 795 mm、石川県輪島市曾々木沖、2023 年 9 月 10 日、角田啓斗・豊田賢治採集。標本: NMCI-P. 3947 (筋肉組織: 99 %エタノール保存)。

形態的特徴からの種同定

本個体は、尾納部に隆起線がない; 第 2 背鰭は第 1 背鰭よりかなり小さい; 眼の後縁に欠刻がない; 第 1 背鰭後端は腹鰭起部より前; 第 2 背鰭起部は骨鰭基底中央部より前方の上にある; 各鰭の先端は白くない; 第 2 背鰭の先端は黒くない; 第 1 と第 2 背鰭の間に背中線隆起がない; 尾鰭後縁は黒くない; 吻端は尖る; 第 1 背鰭起部は胸鰭後端のやや後ろ; 第 1 背鰭と第 2 背鰭間の長さは第 1 背鰭の高さの 2.2 倍以上、といった特徴から、青沼ら (2013) に従いクロヘリメジロザメもしくはハナザメと考えられた。検索表内の識別形質である歯形や鰭の黒斑の有無については、検討個体が幼魚であり両種の識別が困難であった (青沼ら 2013)。一方、吻が著しく長くない点はハナザメでなくクロヘリメジロザメの特徴と一致した (Garrick 1982)。



Fig. 1. Lateral view of fresh cooper shark *Carcharhinus brachyurus*. Scale bar: 10 cm.

遺伝子配列からの種同定

新規に決定したミトコンドリア DNA の 12S 遺伝子領域 (215 bp) および *cox1* 遺伝子領域 (628 bp) の部分配列はそれぞれ DDBJ/EMBL/GenBank 国際塩基配列データベースに登録した (登録番号: LC781637 および LC781636)。BLAST 検索では、新規に得られた 12S 遺伝子部分配列はクロヘリメジロザメの 12S の塩基配列と 100% の相同性を示した (Kim et al 2021)。同様に、*cox1* 遺伝子領域の部分配列はクロヘリメジロザメの *cox1* 塩基配列と 99.19–100% の相同性を示した (Wong et al. 2009 Velez-Zuazo et al. 2015; Steinke et al. 2016; Almeron-Souza et al. 2018; da Silva Ferrette et al. 2019; Kim et al. 2021)。よって、形態的特徴と本分子解析の結果に基づき、検討個体をクロヘリメジロザメと同定した。

分布

本種は国内において北海道、鹿島灘、房総半島東岸、相模湾、新潟県柏崎沖、山口県日本海側、有明海、九州南岸から記録がある (河野ら 2011, 2014, 2020; 青沼ら 2013; 小枝 2018, 2020; 園山 2020)。石川県からの記録はないため、本報告が石川県初記録となる。また、日本海側において北海道、新潟県、山口県と 3 県でしか本種の記録がなかったことから (河野ら 2011, 2014, 2020; 青沼ら 2013; 園山 2020)、本報告が日本海側 4 県目の記録となる。

謝辞

輪島市ふるさと体験実習館の角 知子氏には曾々木で行われる定置網漁見学の機会をいただいた。刀裨利雄氏と佐竹勝一氏をはじめとする曾々木の定置網漁師の皆様には本個体を快く提供していただいた。金沢大学環日本海域環境研究センター臨海実験施設の小木曾正造博士には文献を提供していただいた。また、のと海洋ふれあいセンターの東出幸真氏には標本登録の際にお世話になった。上記の方々に深く御礼申し上げる。

引用文献

- Almerón-Souza, F., Sperb, C., Castilho, C. L., Figueiredo, P. I., Gonçalves, L. T., Machado, R., Oliveira, L. R., Valiati, V. H., Fagundes, N. J. (2018). Molecular identification of shark meat from local markets in Southern Brazil based on DNA barcoding: evidence for mislabeling and trade of endangered species. *Front. Genet.* 9: 138.
- 青沼佳方・山口敦子・柳下直己・吉野哲夫 (2013). メジロザメ科. 日本産魚類検索 全種の同定 第三版. (編) 中坊徹次. 東海大学出版会, 秦野, pp. 171–176, 1761–1762.
- da Silva Ferrette, B. L., Domingues, R. R., Ussami, L. H. F., Moraes, L., de Oliveira Magalhães, C., de Amorim, A. F., Silva Hilsdorf, A. W., Oliveira, C., Foresti, F., Mendonça, F. F. (2019). DNA-based species identification of shark finning seizures in Southwest Atlantic: implications for wildlife trade surveillance and law enforcement. *Biodiversity Conserv.* 28: 4007–4025.
- Garrick, J. A. F. (1982). Sharks of the genus *Carcharhinus*. NOAA Tech. Rep. NMFS Circ. 445: 1–194.
- Huveneers, C., Rigby, C. L., Dicken, M., Pacoureau, N., Derrick, D. (2020). *Carcharhinus brachyurus*. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-3.RLTS.T41741A2954522.en>. (accessed on 30 September 2023).
- 環境省 (2017). 【魚類】海洋生物レッドリスト (2017). <https://www.eny.go.jp/content/000037627.pdf>. (accessed on 30 September 2023).
- 河野光久・堀 成夫・土井啓行 (2011). 2005~2009 年の山口県日本海域における海洋生物に関する特記的現象. 山口県水産研究センター研究報告 9: 1–27.
- 河野光久・三宅博哉・星野 昇・伊藤欣吾・山中智之・甲本亮太・忠鉢孝明・安澤 弥・池田怜・大慶則之・木下仁徳・児玉晃治・手賀太郎・山崎 淳・森 俊郎・長浜達章・大谷徹也・山田英明・村山達朗・安藤朗彦・甲斐修也・土井啓行・杉山秀樹・飯田新二・船木信一 (2014). 日本海産魚類目録. 山口県水産研究センター研究報告 11: 1–30.
- 河野光久・園山貴之・堀 成夫・荻本啓介・國森拓也・内田喜隆 (2020). 2014~2018 年の山口県日本海域における海洋生物に関する特記的現象. 山口県水産研究センター研究報告 11: 9–31.
- Kim, S. W., Park, S. Y., Kwon, H., Giri, S. S., Kim, S. G., Kang, J. W., Kwon, J., Lee, S. B., Jung, W. J., Lee, J. M., Park, S. C., Kim, J. H. (2021). Complete mitochondrial genome and phylogenetic analysis of the copper shark *Carcharhinus brachyurus* (Günther, 1870). *Mitochondrial DNA Part B* 6: 1659–1661.

- 小枝圭太 (2018). メジロザメ科. 黒潮あたる鹿児島島の海内之浦漁港に水揚げされる魚たち. (編) 小枝圭太・畑 晴陵・山田守彦・本村浩之. 鹿児島大学総合研究博物館, 鹿児島, p. 25–32.
- 小枝圭太 (2020). メジロザメ科. 大隈市場魚類図鑑. (編) 小枝圭太・畑 晴陵・山田守彦・本村浩之. 鹿児島大学総合研究博物館, 鹿児島, pp. 29–36.
- Miya, M., Sato, Y., Fukunaga, T., Sado, T., Poulsen, J. Y., Sato, K., Minamoto, T., Yamamoto, S., Yamanaka, H., Araki, H., Kondoh, M., Iwasaki, W. (2015). MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species. *R. Soc. Open Sci.* 2: 150088.
- 本村浩之 (2020). 日本産魚類全種目録 これまでに記録された日本産魚類全種の現在の標準和名と学名. 鹿児島大学総合研究博物館, 鹿児島.
- 園山貴之・荻本啓介・堀 成夫・内田喜隆・河野光久 (2020). 証拠標本および画像に基づく山口県日本海産魚類目録. 鹿児島大学総合研究博物館研究報告 11: 1–152.
- Steinke, D., Connell, A. D., Hebert, P. D. (2016). Linking adults and immatures of South African marine fishes. *Genome* 59: 959–967.
- Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol. Biol. Evol.* 38: 3022–3027.
- Velez-Zuazo, X., Alfaro-Shigueto, J., Mangel, J., Papa, R., Agnarsson, I. (2015). What barcode sequencing reveals about the shark fishery in Peru. *Fish. Res.* 161: 34–41.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philos. Trans. R. Soc. London, Ser. B* 360: 1847–1851.
- Wong, E. H. K., Shivji, M. S., Hanner, R. H. (2009). Identifying sharks with DNA barcodes: assessing the utility of a nucleotide diagnostic approach. *Mol. Ecol. Resour.* 9: 243–256.

Received: 20 October 2023 | Accepted: 27 October 2023 | Published: 1 November 2023