Aquatic Animals

水生動物 第 2023 巻
令和 5 年 3 月

日本列島の太平洋側で採集されたヒメタツ *Hippocampus haema* の形態的および遺伝的特徴

Morphological and genetic characteristics of Korean seahorse *Hippocampus haema* (Teleostei, Syngnathidae) collected from the Pacific Ocean side of Japanese Archipelago

相澤俊洋・池田 実*
Toshihiro Aizawa, Minoru Ikeda*

東北大学大学院農学研究科附属女川フィールドセンター沿岸フィールド生物生産学研究室，宮城県牡鹿郡女川町小乗 2-10-1
Laboratory of Marine and Coastal Ecosystem Science, Onagawa Field Center, Graduate School of Tohoku University, 2-10-1, Konori, Onagawa, Oshika, Miyagi 986-2248
*Corresponding author, e-mail: minoru.ikeda.a6@tohoku.ac.jp, Tel: +81-225-53-2436.

Abstract

Hippocampus haema Han, Kim, Kai & Senou 2017 has been found along the coast of the Sea of Japan from Akita Prefecture to Yamaguchi Prefecture in Honshu, the Yatsushiro Sea in Kyushu, and the southern coast of the Korean Peninsula. However, there were no records of this species from the Pacific side of the Japanese Archipelago, with the exception of an example of a partial mitochondrial DNA sequence recently deposited in the DNA data bank. We collected a seahorse specimen from the seagrass bed at Koyadori Fishing Port in Onagawa Town, Miyagi Prefecture, on the Pacific Ocean side on 29 August 2022. Based on morphological characteristics and mitochondrial DNA analysis, this specimen was identified as *H. haema*. This study provided detailed morphological information and the DNA sequences of the specimen and compared them with previous morphological and DNA data on *H. haema* and the related species. The values for the 16 morphological characters examined were within the range of previously reported values for *H. haema*, except for the coronet height from the mid-point of the cleithral ring (CHMC). Small but substantial number of nucleotide substitutions were found between this specimen and previously reported *H. haema* in Japan, and phylogenetic analysis showed that this specimen belonged to the Korean clade.

Key words: Syngnathidae; *Hippocampus haema*; Onagawa; Pacific Ocean; seagrass bed; mitochondrial DNA; morphology; DNA sequences

緒言

ヨウジウオ科 Syngnathidae のタツノオトシゴ属 *Hippocampus* Rafinesque, 1810 は日本から 11 種が記録されている（瀬能 2013; Han et al. 2017; Short et al. 2018; Motomura and Uehara 2020）。これらのうち、タツノオトシゴ *H. coronatus*、ハナタツ *H. sindonis*、ヒメタツ *H. haema* の 3 種は、かつては単一種 *H. coronatus* と考えられていたが（三谷 1956; 荒賀 1984）、頂冠が著しく高くて吻長が長い（頭長の 1/2.33 程度）*H. coronus* と、頂冠がやや高くて吻長の短い（頭長の 1/3 程度）*H. sindosis* の 2 種とする見解（Jordan and Snyder 1901; 岡田・松原 1938; 松原 1955; Lourie et al. 1999; 瀬能 2000; Lourie et al. 2004; 瀬能 2013）もあり、分類学的位置付けが混乱していた。向井ら（2000）は、ミトコンドリア DNA（mtDNA）の塩基配列分析により、相模湾に生息する従来の *H. coronus* に頂冠の高低と対応した遺伝的に異なる 2 型が存在することを報告した。

Han et al.（2017）は、日本列島と朝鮮半島の *H. coronus* 標本について、詳細な形態形質の比較と mtDNA の塩基配列分析を行い、従来 *H. coronatus* とされていたグループの中に複数種が存在することを確認してタツノオトシゴ *H. coronatus* とハナタツ *H. sindosis* を再記載し、これらとは遺伝的にも形態的にも識別可能なヒメタツ *H. haema* Han, Kim, Kai & Senou 2017 を日本列島と朝鮮半島から新種として記載した。この報告により、ヒメタツは日本で 116 年ぶり（当時）に新種記載されたタツノオトシゴ属魚類となった。

ヒメタツは、タツノオトシゴに比べて頂冠が低いこと、ハナタツにはない背鰭基部の翼状棘を有することで識別され（Han et al. 2017）、日本列島（秋田県から山口県に至る日本海沿岸と八代海）と朝鮮半島（南部および南東部）から記録されている（Han et al. 2017; 吉郷 2019; 園山ら 2020; 草間ら 2022）。また、Han et al.（2017）は、mtDNA のシトクローム *b*（Cyt *b*）領域において日本列島と朝鮮半島の標本が異なるクレードを形成することを報告した。日本列島の太平洋側からは本種の記録がなかったが、2017 年 9 月に宮城県気仙沼市唐桑町西舞根から採集された本種の mtDNA の 12S rRNA（12S）の全長と tRNA-Val および 16S rRNA（16S）の一部の塩基配列（計 1060 bp: LC385100）が 2022 年 12 月 21 日付で DNA データバンクに登録された。しかし、Cyt *b* の塩基配列情報がないため、日本列島と朝鮮半島のどちらのクレードに属するのかは不明であった。著者らは、2022 年 8 月 29 日に宮城県牡鹿郡女川町小屋取漁港内のアマモ場からタツノオトシゴ属魚類 1 個体を採集し、形態的特徴ならびに mtDNA の塩基配列から、この標本をヒメタツと同定した。本論文では、同標本の詳細な形態形質の情報と mtDNA の 16S、12S、そして Cyt *b* の塩基配列を記載し、これまでに報告されたヒメタツと近縁種の形態ならびに DNA データとの比較を行った。

材料と方法

採集地点と採集方法

調査標本は、宮城県牡鹿郡女川町の小屋取漁港（N 38.4075, E 141.5020）から得られた（Fig. 1）。この漁港内には、漁港最奥部の護岸堤防から約 25 m 離れた砂質の海底に主にアマモ *Zostera marina* から構成されるアマ

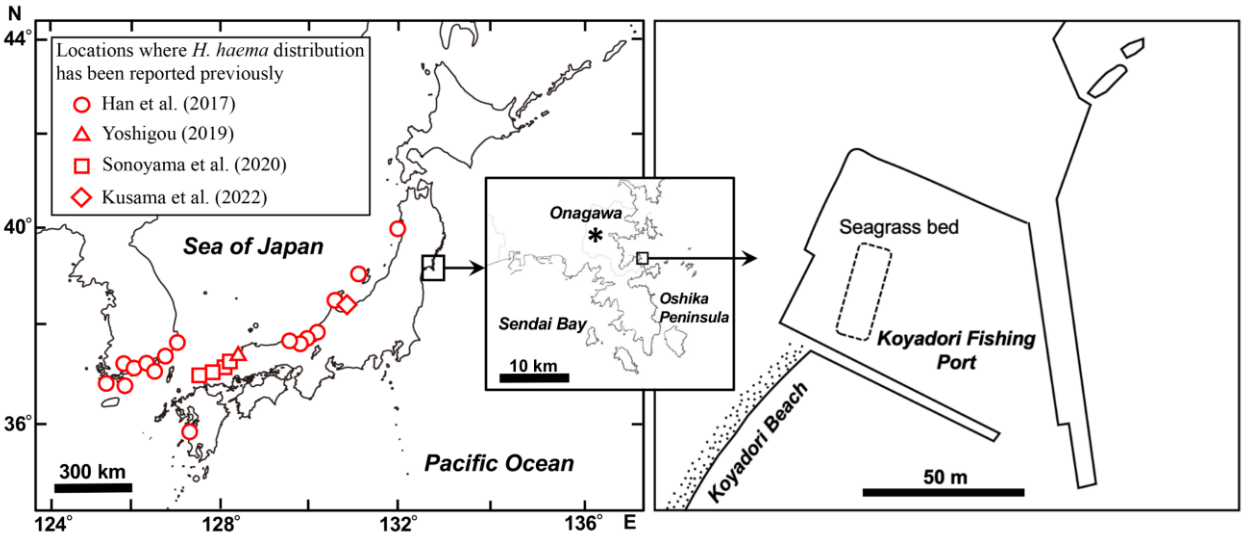

Fig. 1. Geographic location of Koyadori Fishing Port and the localities where *Hippocampus haema* distribution has been reported previously.

モ場（約 440 m²）が形成されており、著者らはこのアマモ場において仔稚魚群集の種組成調査を目的として 2022 年 5 月から定期的に採集を行っている。本研究に関する採集は、その一環として同年 8 月 29 日に実施した。採集には水研型海岸魚類採集用地曳網［袖部: 長さ 2 m x 高さ 1 m; 袋部: 幅 1 m x 高さ 1 m x 側長 2 m; 網地（ナイロンメッシュ）: 目合い 1.4 mm］（イリサワ）を用いた。採集した調査標本は氷冷して研究室に運搬し、-20 °C で一晩冷凍保存した。その後、記録用の写真をデジタルカメラ（OLYMPUS OM-D EM-1 MarkⅢ）で撮影して、99.5 %エタノールで固定した。

形態

形態形質については標準体長（SL）を計測した後、Han et al. （2017）に従って 10 計数形質と 6 計測形質を調べた（Table 1）。これらの形質のうち、SL、TaR、HL、CHGO、CHMC、SnL、ED、TrL、TaL については、標本全体を撮影した記録用写真を用いて ImageJ（Rasband 1997-2012）により計測した。他の形質については、実体顕微鏡（OLYMPUS SZX16）および生物顕微鏡（OLYMPUS DP26）を用い、画像解析ソフトウェア（OLYMPUS CellSens）により計数および計測を行った。これら 16 形質の値について、Han et al.（2017）が報告ならびに引用しているヒメタツ、タツノオトシゴ、ハナタツの値と比較した。

DNA 分析

標本の尾部筋肉を試料としQuickGene DNA tissue kit SとMini80（どちらもKURABO）によりDNA抽出を行った。抽出はキットに添付されているマニュアルに従った。抽出されたDNAをテンプレートとし、mtDNAのCyt *b*、12S、16Sについて、それぞれの部分領域をPCR法により増幅した。PCR反応液の組成は、抽出DNA 1.0 µL、10 × Buffer（TOYOBO）1.25 µL、dNTP Mixture（TOYOBO）1.25 µL、プライマー（50 µM）各0.25 µL、Blend Taq-Plus（TOYOBO）0.125 µLとし、全量が13 µLとなるように超純水を加えた。各プライマーの塩基配列およびPCRの温度条件はHan et al.（2017）に従った。PCR終了後、1 %アガロース電気泳動により増幅の有無を確かめた後、増幅断片をAMPURE XP （Bechman Coulter）を用いて精製し、サイクルシーケンス反応に供した。サイクルシーケンス反応はBigDye Terminator Sequencing Standard Kit ver. 3.1（Life Technologies）を用い、反応液の組成と温度条件ならびに反応後の精製は添付のマニュアルに従った。精製後、3500 XL Genetic Analyzer（Life Technologies）によりキャピラリー電気泳動を行って塩基配列を決定した。決定した塩基配列は、Han et al.（2017; 2018）が報告したヒメタツの配列（Cyt *b*: KP744863–KP744882; 16S: KP744883–KP744902; 12S: KP744903–KP744922）と比較した。比較のためのアライメントにはMEGA X （Kumar et al. 2018）に含まれるClustalW（Thompson et al. 1994）を用いた。また、これらの塩基配列およびHan et al.（2017; 2018）によるタツノオトシゴ*H. coronatus*（Cyt *b*: KT167545–KT167548; 16S: KT167549–KT167552; 12S: KT167553–KT167556）、ハナタツ*H. sindonis*（Cyt *b*: KT167539–KT167540; 16S: KT167541–KT167542; 12S: KT167543–KT167544）と、他の研究者の報告によるサンゴタツ*H. mohnikei*（KT780446）（Zhang et al. 2015a）、クロウミウマ*H. kuda*（AP005985）（Kawahara et al. 2008）、*H. reidi*（KJ123692）（Wang et al. 2016）、*H. ingens*（KF680453）（Zhang et al. 2015b）の塩基配列およびアウトグループとしてのヨウジウオ*Syngnathus schlegeli*の塩基配列（AP012318）（Song et al. 2014）を含めて3領域の塩基配列を結合した分子系統樹を作成した。K2P塩基置換モデル（Kimura 1980）による配列間距離の計算ならびに近隣結合法（Saitou and Nei

1987）による系統樹の構築にはMEGA X（Kumar et al. 2018）を用いた。出現したクレードの統計的信頼性は1000回のブートストラップによって評価した。

Fig. 2. *Hippocampus haema* (specimen: KOY-0341) collected from Koyadori Fishing Port on 29 August 2022.

結果

形態的特徴

調査標本（KOY-0341: Fig. 2）における形態形質の値と先行研究によるタツノオトシゴ、ハナタツ、ヒメタツの形態形質の値を比較した結果を Table 1 に示す。ヒメタツとタツノオトシゴおよびハナタツを区別する形質である背鰭基部の翼状棘数（WS）と頭長に対する鰓孔を基点とした頂冠の高さの割合（CHGO）に着目すると、KOY-0341 はタツノオトシゴと同様に WS を有しており、CHGO はハナタツと同程度でタツノオトシゴよりも明らかに小さかったことから、この個体はヒメタツと同定された。他の形態形質の値も Han et al.（2017）の記載したヒメタツの値の範囲内に収まったが、頭長に対する擬鎖骨中央部を基点とした頂冠の高さの割合（CHMC）は 62.3 %と Han et al.（2017）が示した値（34.1–54.6 %）よりも大きかった。なお、標本の雌雄については不明であった。

DNA 分析

得られたヒメタツ標本（KOY-0341）の Cyt *b*（746 bp: LC750326）、16S（551 bp: LC750327）、12S（694 bp: LC750328）の塩基配列について、Han et al.（2017）による日本（舞鶴）と韓国（Bunsan、Soan Island、Boseong、Tongyong）の標本の塩基配列（Cyt *b*: 702 bp; 16S: 551 bp; 12S: 694 bp）と共にアラインメントして比較した結果を Table 2 に示す。標本全体で見ると、16S と 12S ではそれぞれ 3 サイトと 2 サイトで塩基置換が生じていたが、標本間で大きな違いは認められなかった。一方、Cyt *b* では 10 サイトで塩基置換が生じており、KOY-0341 と韓国の 12 標本の間の塩基置換数は 0 または 1 個で K2P 距離（平均値 ± SD）が 0.035 ± 0.062 %であったのに対し、日本の 8 標本との間の塩基置換数は 3–5 個で K2P 距離が 0.521 ± 0.100 %となった。なお、KOY-0341 と DNA データバンクに登録されていた宮城県気仙沼市唐桑町西舞根のヒメタツ標本における 12S の塩基配列（LC385100）の間には差異が認められなかった。KOY-0341 と Han et al.（2017）のヒメタツ標本および他のタツノオトシゴ属 4 種における 3 領域の塩基配列データを結合して作成した分子系統樹を Fig. 3 に示す。ヒメタツ、タツノオトシゴ、ハナタツの標本はそれぞれ高いブートストラップ値（99 %）で支持されるクレードを形成した。ヒメタツ標本のうち、Han et al.（2017）の報告した韓国と日本の標本は、それぞれ 92 %と 44 %のブートストラップ値で相互に単系統を形成し、本調査標本である KOY-0341 は韓国のクレードに含まれた。なお、Cyt *b* の塩基配列データのみで作成した分子系統樹では、ヒメタツの韓国および日本のクレードのブートストラップ値がそれぞれ 90 %と

Table 1. Comparison of meristic and morphometric characters in the three *Hippocampus* species including a specimen examined in this study.

	H. haema		*H. coronatus*				*H. sindonis*		
Reference	This study	Han et al. (2017)	Temminck and Schlegel (1850)	Jordan and Snyder (1901)	Lourie et al. (1999)	Han et al. (2017)	Jordan and Snyder (1901)	Lourie et al. (1999)	Han et al. (2017)
N	1	140	5	n.d.	7	28	1	6	14
SL (mm)	31.3	15.9–113.9	?–127.0	90.0–115.0	n.d.	24.1–133.0	38	n.d.	30.9–108.3
Meristic characters									
TrR	10	10	n.d.	10	10	10	10	10	10
TaR	38	35–38 (36)	n.d.	38–40	38–40 (39)	37–40 (39)	37	36-38 (37)	35–38 (36)
DsR	2+0	2+0, 2+1	n.d.	2+1	2+0	2+0, 2+1	2+0	2+1	2+0, 2+1
D	14	11–14 (13)	n.d.	13–14	14	12–15 (14)	15	11–15 (12)	11–15 (12)
A	4	4	n.d.	n.d.	n.d.	4	n.d.	n.d.	4
P	13	10–13 (12)	n.d.	11	12	10–13 (12)	14	12–14	11–14 (11)
CS	1	1	n.d.	n.d.	1	1	n.d.	1	1
ES	2	1–2 (1)	n.d.	n.d.	1	1	2	2	2
WS	1	1	1	n.d.	1	1	n.d.	0	0
CoT	4	4	4	n.d.	n.d.	4	n.d.	n.d.	5
Morphometric characters									
CHGO (% HL)	39.0	22.7–41.6 (32.2)	44.4	42.9	n.d.	43.0–60.1 (51.6)	35.7	n.d.	26.8–41.0 (33.9)
CHMC (% HL)	62.3	34.1–54.9 (44.5)	n.d.	n.d.	n.d.	55.7–79.0 (67.4)	n.d.	n.d.	36.3–55.4 (45.9)
SnL (% HL)	32.9	28.8–49.0 (38.9)	44.4	42.9	40.0–43.4 (41.7)	35.6–44.2 (39.9)	35.7	30.3–35.7 (33.0)	28.7–37.2 (33.0)
ED (% SnL)	58.3	27.1–68.9 (48.0)	n.d.	33.3	n.d.	32.3–62.9 (47.6)	57.1	n.d.	41.5–69.0 (55.3)
HL (% TrL)	71.7	57.3–88.7 (73.0)	n.d.	60.0–66.7 (63.4)	n.d.	56.6–71.3 (64.0)	75.0	n.d.	57.2–80.1 (68.7)
TrL (% TaL)	45.0	37.4–57.2 (47.3)	n.d.	50.0–71.4 (60.7)	n.d.	42.6–64.5 (53.6)	50.0	n.d.	38.3–52.1 (45.2)

N: Number of samples; SL: Standard length; TrR: Number of trunk rings; TaR: Number of tail rings; DsR: Number of rings supporting dorsal fin; D: Number of dorsal fin rays; A: Number of anal fin rays; P: Number of pectoral fin rays; CS: Number of cheek spines; ES: Number of eye spine; WS: Number of wing-tip spines on dorsal fin base; CoT: Number of tips on corona flat; HL: Head length; CHGO: Coronet height from gill opening; CHMC: Coronet height from mid-point of cleithral ring to the median groove on corona; SnL: Snout length; ED: Eye diameter; TrL: Trunk length; TaL: Tail length; n.d.: no data. Bracket represents mode in counts and median in measurements.

Table 2. Nucleotide substitution sites in three mitochondrial DNA regions of *Hippocampus haema* specimens collected from Japan and Korea.

Area	Specimen code (locality)	Accesion No. (Cyt *b*, 16S rRNA, 12S rRNA)	Cyt *b* (699 bp)										16S (551 bp)			12S (694 bp)	
			63	208	246	357	501	504	555	570	594	677	319	390	497	128	189
Korea	PKU9424 (Busan)	KP744863, KP744883, KP744903	G	A	G	T	T	C	A	T	C	C	A	T	A	G	T
	PKU9641 (Busan)	KP744864, KP744884, KP744904	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·
	PKU9714 (Busan)	KP744865, KP744885, KP744905	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	·	·	G	·	·
	PKU9718 (Busan)	KP744866, KP744886, KP744906	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·
	PKU9732 (Busan)	KP744867, KP744887, KP744907	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·
	PKU9738 (Busan)	KP744868, KP744888, KP744908	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·
	PKU9747 (Busan)	KP744869, KP744889, KP744909	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·
	PKU10128 (Busan)	KP744870, KP744890, KP744910	·	G	·	·	C	·	·	·	·	·	·	C	·	·	·
	PKU10129 (Busan)	KP744871, KP744891, KP744911	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·
	PKU11169 (Soan Island)	KP744872, KP744892, KP744912	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·
	PKU11181 (Boseong)	KP744873, KP744893, KP744913	·	·	A	·	C	·	·	·	·	·	·	·	·	·	·
	PKU11395 (Tongyeong)	KP744874, KP744894, KP744914	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	G	·	·	·	·
Japan	KOY-0341 (Koyadori; This study)	LC750326, LC750327, LC750328	·	·	·	·	C	·	·	·	·	·	·	·	·	·	C
	FAKU135638-1 (Maizuru)	KP744875, KP744895, KP744915	A	·	·	·	C	·	G	·	T	T	·	·	·	·	·
	FAKU135638-2 (Maizuru)	KP744876, KP744896, KP744916	A	·	·	·	C	·	G	·	T	T	·	·	·	·	·
	FAKU134639-1 (Maizuru)	KP744877, KP744897, KP744917	A	·	·	·	C	T	·	·	T	T	·	·	·	A	·
	FAKU134639-2 (Maizuru)	KP744878, KP744898, KP744918	A	·	·	C	C	·	·	C	T	T	·	·	·	·	·
	FAKU135640 (Maizuru)	KP744879, KP744899, KP744919	A	·	·	·	C	·	·	·	T	T	·	·	·	·	·
	FAKU135641 (Maizuru)	KP744880, KP744900, KP744920	A	·	·	·	C	·	·	·	T	T	·	·	·	·	·
	FAKU135642 (Maizuru)	KP744881, KP744901, KP744921	A	·	·	·	C	·	·	·	T	T	·	·	·	·	·
	FAKU135644 (Maizuru)	KP744882, KP744902, KP744922	A	·	·	·	C	·	·	·	T	T	·	·	·	·	·

Dots indicate identical to the nucleotides of PKU9424.

55 %で Fig. 3 とは異なったが、同一のトポロジーを示した。

考察

小屋取漁港で得られたタツノオトシゴ属魚類（KOY-0341）は、形態および DNA 分析に基づいてヒメタツと同定され、太平洋側から得られた本種の標本について初めて形態と DNA の情報を記載した。

タツノオトシゴ属魚類における成体の雌雄判別については、成熟した雄が育児嚢を有することにより可能となる。Choi et al.（2006）は、タツノオトシゴ種群（sensu lato）の成熟時の最小標準体長（SL）は 53.9 mm と報告しており、本調査標本の SL は 31.3 mm と小さかったために性を判別できなかった可能性が高い。本研究で調べた 16 形態形質のうち、頭長に対する擬鎖骨中央部を基点とした頂冠の高

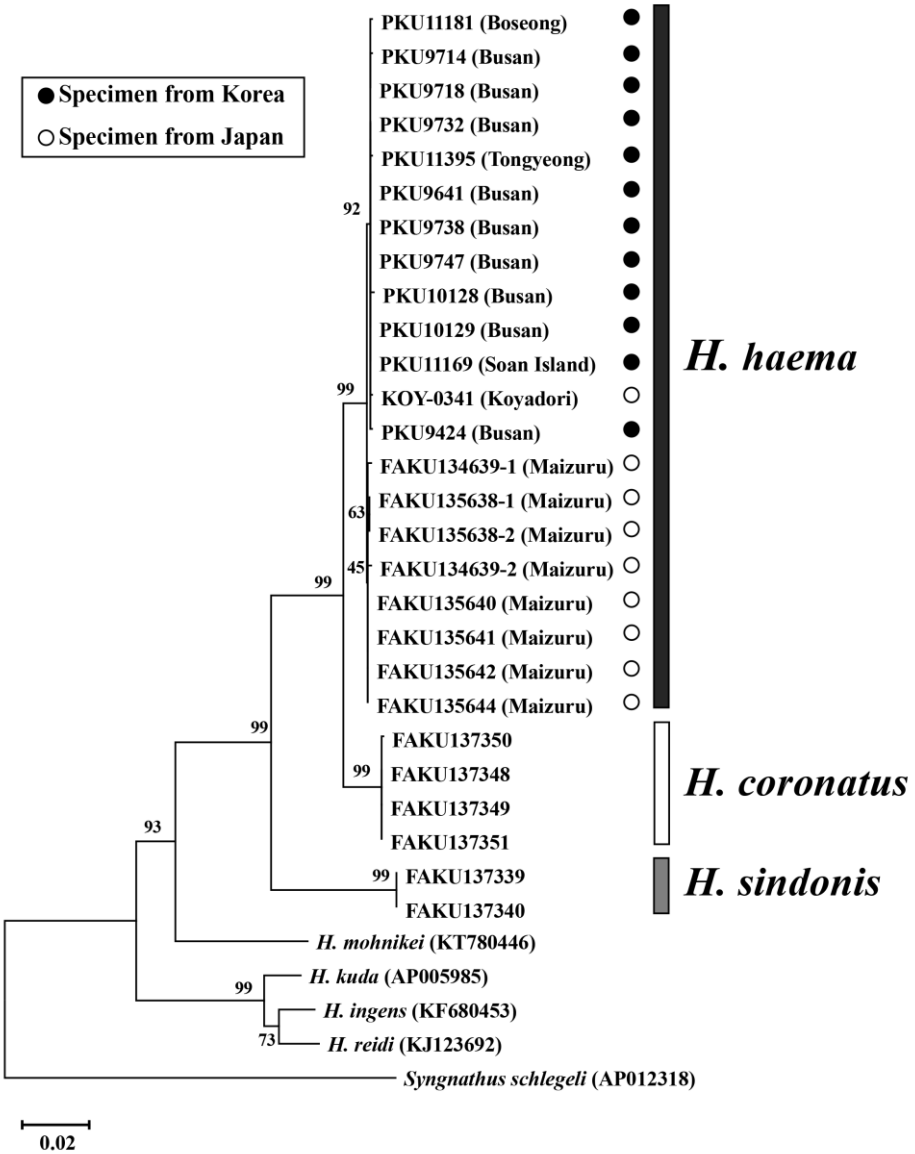

Fig. 3. Neighbor-joining tree showing the relationships among species of *Hippocampus* including *H. hamae* collected from Koyadori Fishing Port (specimen: KOY-0341) based on mtDNA sequences. This tree was constructed using sequences concatenated the three gene regions (Cyt *b*: 699 bp, 16S: 556 bp, and 12S: 661 bp) as partitions. Numbers near nodes indicate probabilities the result of 1000 bootstrap replications test. Scale bar is 2 % genetic distance.

さの割合（CHMC）を除く 15 形質の値は、Han et al.（2017）の報告したヒメタツの値の範囲内であったが、CHMC の値は Han et al.（2017）の示した値よりも明らかに大きかった。Lourie et al.（2004）は、タツノオトシゴ属の体型は成長に伴って変化し、特に幼魚では頂冠が比較的高くなる傾向があることを指摘している。本調査標本は小型の未成熟個体であったためにこのような違いが生じている可能性が高い。

Han et al.（2017）は日本（京都府舞鶴産）と韓国（南部および南東部産）のヒメタツの間で mtDNA の系統が異なり、本種が日本列島と朝鮮半島の間で遺伝的に分岐している可能性を示唆した。Han et al.（2017）が塩基配列を調べた日本列島のヒメタツ標本は舞鶴産のみで、日本列島のヒメタツの塩基配列を代表しているとは言い難い。しかし、小屋取漁港で採集された本調査標本の塩基配列が朝鮮半島のクレードに属したことは興味深い結果である。タツノオトシゴ属の成魚は遊泳力に乏しく、その繁殖生態においてもオスの育児嚢内で受精が起こり、稚魚の状態で孵化するため、総じて分散能力は低いと考えられる。しかし、各種の地理的分布の様相や DNA マーカーを用いた集団構造解析、複数の種または種群に見られる種分化パターンの解析により、長距離を受動的に分散していることが示唆されている（Teske et al. 2005, 2007; Lourie et al. 2005; Woodall et al. 2011; Boehm et al. 2013; Li et al. 2021）。受動分散の主な様式として考えられているのは、稚魚が尾を漂流物（流れ藻や海洋ごみなど）に巻きつけ、その漂流物に魚体を固定したまま海流によって輸送されるラフティングであり、複数のタツノオトシゴ属魚類で実際に観察されている（Powell 2000; Kanou and Kohno 2001; Vandendriessche et al. 2006; Luzzatto et al. 2013, 2014）。対馬暖流は複数の流路を通って日本海を北上するが、その一部は朝鮮半島沿岸を北上した後、本流と合流する（Yabe et al. 2021）。合流後、本流の一部は津軽暖流となって太平洋側を三陸海岸に沿って南下し、女川湾を含む複数の湾にも流入していることが示唆されている（Abe et al. 2011; Ishizu et al. 2017; Yamada et al. 2017; Takahashi et al. 2018）。浮遊生物が対馬暖流に乗って日本海を北上し、津軽暖流に乗って太平洋側に到達している代表的な例としてはエチゼンクラゲ *Nemopilema nomurai*（Uye 2008）が挙げられる。また、漂流物では、朝鮮半島南部の古興沖を航行中であった貨物船から落下した約 87 万個のプリンター用インクカートリッジのうち 1 個が下北半島の太平洋側に漂着した例がある（由比ら 2008）。これらの事例を考え合わせると、本報のヒメタツは朝鮮半島沿岸からラフティングにより対馬暖流および津軽暖流に乗って輸送されてきた可能性がある。また、日本列島の日本海側において朝鮮半島のヒメタツと同じ塩基配列を持った個体群が形成されていれば、そこから輸送されたと考えることもできる。

著者らは、小屋取漁港内における稚魚の種組成に関する調査を 2022 年 5 月から毎月 1 回の頻度で実施しているが、同年 12 月までの調査期間中で採集されたヒメタツは本標本のみであった。そのため、この場所でヒメタツが個体群を形成している可能性は低いと考えられる。しかし、先に述べたラフティングによって日本海側から太平洋側へのヒメタツの供給が繰り返されていれば、太平洋側でも朝鮮半島や舞鶴の標本とそれぞれ同一あるいは近縁な mtDNA を保有する個体群が形成されているかもしれない。また、これらとは異なる mtDNA を保有する個体群が形成されている可能性もある。今後、これまでに太平洋側でタツノオトシゴやハナタツとして同定されてきた標本の精査を含めて太平洋側でも本種の分布調査を行い、さらに分布域全体での塩基配列データを収集することが必要と考えられる。

引用文献

Abe, H., Sato-Okoshi, W., Endo Y. (2011). Seasonal changes of planktonic polychaete larvae and chlorophyll a concentration in Onagawa Bay, northeastern Japan. Ital. J. Zool. 78: 255-266.

荒賀忠一 (1984). タツノオトシゴ. 益田一・尼岡邦夫・荒賀忠一・上野輝彌・吉野哲夫（編），日本産魚類大図鑑，東海大学出版会，東京. P. 88.

Boehm, J. T., Woodall, L., Teske, P. R., Lourie, S. A., Baldwin, C., Waldman, J., Hickerson, M. (2013). Marine dispersal and barriers drive Atlantic seahorse diversification. J. Biogeogr. 40: 1839–1849.

Choi, Y. U., Rho, S., Jung, M. M., Lee, Y. D., Noh, G. A. (2006). Parturition and early growth of crowned seahorse, *Hippocampus coronatus* in Korea. J. Aquac. 19: 109–118. (In Korean with English abstract).

Han, S.-Y., Kim, J.-K., Kai, Y., Senou, H. (2017). Seahorses of the *Hippocampus coronatus* complex: taxonomic revision, and description of *Hippocampus haema*, a new species from Korea and Japan (Teleostei, Syngnathidae). ZooKeys 712: 113–139.

Han, S.-Y., Kim, J.-K., Kai, Y., Senou, H. (2018). Corrigenda: Han, S.-Y., Kim, J.-K., Kai, Y., Senou, H. (2017) Seahorses of the *Hippocampus coronatus* complex: taxonomic revision, and description of *Hippocampus haema*, a new species from Korea and Japan (Teleostei, Syngnathidae). ZooKeys 753: 169–170.

Ishizu, M., Itoh, S., Tanaka, K., Komatsu, K. (2017). Influence of the Oyashio Current and Tsugaru Warm Current on the circulation and water properties of Otsuchi Bay, Japan. J. Oceanogr. 73: 115–131.

Jordan, D. S., Snyder, J. O. (1901). A review of the hypostomide and lophobranchiate fishes of Japan. Proc. U. S. Nat. Mus. 24: 1–20.

Kanou, K., Kohno, H. (2001). Early life history of a seahorse, *Hippocampus mohnikei*, in Tokyo Bay, Japan. Ichthyol. Res. 48: 361–368.

Kawahara, R., Miya, M., Mabuchi, K., Lavoue, S., Inoue, J. G., Satoh, T. P., Kawaguchi, A., Nishida, M. (2008). Interrelationships of the 11 gasterosteiform families (sticklebacks, pipefishes, and their relatives): A new perspective based on whole mitogenome sequences from 75 higher teleosts. Mol. Phylogenet. Evol. 46: 224–236

Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. J. Mol. Evol. 16: 111–120.

Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. Mol. Biol. Evol. 35: 1547–1549.

草間 啓・木村知晴・西馬和沙・楢崎 樹・稲村修 (2022). 2015–2021 年に潜水調査で確認された魚津市沿岸の魚類. 魚津水族博物館年報 31: 51–78.

Li, C., Olave, M., Hou,Y., Qin, G., Schneider, R. F., Gao, Z., Tu, X., Wang, X., Qi, F., Nater, A., et al. (2021). Genome sequences reveal global dispersal routes and suggest convergent genetic adaptations in seahorse evolution. Nat. Commun. 12: 1094.

Lourie, S. A., Vincent, A. C. J., Hall, H. J. (1999). Seahorses: an identification guide to the world's species and their conservation. Project Seahorse, London.

Lourie, S. A., Foster, S. J., Cooper, E. W. T., Vincent, A. C. J. (2004). A guide to the identification of seahorses. Project Seahorse and TRAFFIC North America, University of British Columbia and World Wildlife Fund, Washington D. C., USA.

Lourie, S. A., Green, D. M., Vincent, A. C. J. (2005). Dispersal, habitat differences, and comparative phylogeography of Southeast Asian seahorses (Syngnathidae: *Hippocampus*). Mol. Ecol. 14: 1073–1094.

Luzzatto, D. C., Estalles, M. L., Díaz de Astarloa, J. M. (2013). Rafting seahorses: the presence of juvenile *Hippocampus patagonicus* in floating debris. J. Fish Biol. 83: 677–681.

Luzzatto, D., Pujol, M., Figueroa, D., Díaz de Astarloa, J. (2014). The presence of the seahorse *Hippocampus patagonicus* in deep waters: Additional evidence of the dispersive capacity of the species. Mar. Biodivers. Rec. 7: E71.

松原喜代松 (1955). 魚類の形態と検索 I. 石崎書店，東京.

三谷文夫 (1956). タツノオトシゴ (*Hippocampus coronatus* T. & S.) に見られる形状及び色彩の個体変異. 動雑 65: 66-73.

Motomura, H., Uehara, K. (2020). An annotated checklist of marine and freshwater fishes of Okinoerabu Island in the Amami Islands, Kagoshima, southern Japan, with 361 new records. Bull. Kagoshima Univ. Mus. 12: 1–125.

向井貴彦・封比地孝亘・佐藤寅夫・森沢正昭 (2000). ミトコンドリア DNA によって識

別される相模湾産タツノオトシゴの二型. 魚雑 47: 139-143.
岡田彌一郎・松原喜代松 (1938). 日本産魚類検索, 三省堂, 東京.
Powell, A. B. (2000). Larval and pelagic juvenile fishes collected with three types of gear in Gulf Stream and shelf waters in Onslow Bay, North Carolina, and comments on ichthyoplankton distribution and hydrography. Fish. Bull. 98: 427–438.
Rasband, W. S. (1997–2012). ImageJ, U. S. National Institutes of Health, Bethesda, Maryland, USA, http://rsb.info.nih.gov/ij/.
Saitou, N., Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. Mol. Biol. Evol. 4: 406–425.
瀬能 宏 (2000). ヨウジウオ科. 中坊徹次 (編), 日本産魚類検索　全種の同定　第 2 版, 東海大学出版会, 東京, p. 520–536, 1293–1295.
瀬能 宏 (2013). ヨウジウオ科. 中坊徹次 (編), 日本産魚類検索　全種の同定　第3版, 東海大学出版会, 秦野, p. 615–635, 1909–1913.
Short, G., Smith, R., Motomura, H., Harasti, D., Hamilton, H. (2018). *Hippocampus japapigu*, a new species of pygmy seahorse from Japan, with a redescription of *H. pontohi* (Teleostei, Syngnathidae). Zookeys 779: 27–49.
Song, H. Y., Mabuchi, K., Satoh, T. P., Moore, J. A., Yamanoue, Y., Miya, M., Nishida, M. (2014). Mitogenomic circumscription of a novel percomorph fish clade mainly comprising 'Syngnathoidei' (Teleostei). Gene 542: 146–155.
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.
Takahashi, D., Endo, H., Minegishi, Y., Gomi, Y., Kaneko, K. (2018). Wind- and density-driven circulation in a bay on the Sanriku ria coast, Japan: study of Shizugawa Bay facing the Pacific Ocean. J. Oceanogr. 74: 81-100.
Teske, P. R., Hamilton, H., Palsbøll, P. J., Choo, C. K., Gabr, H., Lourie, S.A., Santos, M., Sreepada A., Cherry, M. I., Matthe, C. E. (2005). Molecular evidence for long-distance colonization in an Indo-Pacific seahorse lineage. Mar. Ecol. Prog. Ser. 286: 249–260.
Temminck, C. J., Schlegel, H. (1850). Pisces. In: P. F. von Siebold (Ed.) Fauna Japonica, sive Descriptio animalium quae in itinere per Japoniam suscepto annis 1823–30 collegit, notis observationibus et adumbrationibus illustravit P. F. von Siebold. Last part. Apud A. Arnz et socios, Lugduni Batavorum Leiden, p. 270–324.
Teske, P. R., Hamilton, H., Matthe, C. A., Baker, N. P. (2007). Signatures of seaway closures and founder dispersal in the phylogeny of a circumglobally distributed seahorse lineage. BMC Evol. Biol. 7: 1–19.
Thompson, J. D., Higgins, D. G., Gibson, T. J. (1994). CLUSTL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Res. 22: 4673–4680.
Uye, S. (2008). Blooms of the giant jellyfish *Nemopilema nomurai*: a threat to the fisheries sustainability of the East Asian Marginal Seas. Plankton Benthos Res. 3 (Suppl.): 125–131.
Vandendriessche, S., Messiaen, M., Vincx, M., Degraer, S. (2006). Juvenile *Hippocampus guttulatus* from a neuston tow at the French–Belgian border. Belg. J. Zool. 135: 101–102.
Wang, X., Zhang, Y., Zhang, H., Meng, T., Lin, Q. (2016). Complete mitochondrial genome sequence of the longsnout seahorse *Hippocampus reidi* (Ginsburg, 1933; Gasterosteiformes: Syngnathidae). Mitochondrial DNA A Mapp. Seq. Anal. 27: 1401–1402.
Woodall, L. C., Koldewey, H. J., Shaw, P. W. (2011). Historical and contemporary population genetic connectivity of the European short-snouted seahorse *Hippocampus hippocampus* and implications for management. J. Fish Biol. 78: 1738–1756.
Yabe, I., Kawaguchi, Y., Wagawa, T., Fujio, S. (2021). Anatomical study of Tsushima Warm Current system: determination of principal pathways and its variation. Prog. Oceanogr. 194: 102590.
Yamada, Y., Kaga, S., Kaga, Y., Naiki, K., Watanabe, S. (2017). Changes of seawater quality in Ofunato Bay, Iwate, after the 2011 off the Pacific coast of Tohoku Earthquake. J. Oceanogr. 73: 11-24.
吉郷英範 (2019). 島根県の沿岸浅所から採集された 13 種の魚類. ホシザキグリーン財団研究報告 22: 191–202.
由比良雄・中西弘樹・林 重雄・小島あずさ (2008). インクカートリッジの海上拡散と漂着. 漂着物学会誌 6: 5–9.
Zhang, Z., Chen Z., Zhao, L., Song, N., Gao, T. (2015a). Complete mitochondrial DNA genome of *Hippocampus mohnikei*

(Gasterosteiformes: Syngnathidae). Mitochondrial DNA A Mapp. Seq. Anal. 28: 127–128.

Zhang, H., Zhang, Y., Lin, Q. (2015b). Complete mitochondrial genome of the pacific seahorse *Hippocampus ingens* Girard, 1858 (Gasterosteiformes: Syngnathidae). Mitochondrial DNA A Mapp. Seq. Anal. 26: 755–756.

Received: 13 January 2023 | Accepted: 22 February 2022 | Published: 1 March 2023