

ヒラスズキ *Lateolabrax latus* の東北地方太平洋側からの初記録と 環境 DNA データベースによる分布域の検討

First record of Blackfin seabass *Lateolabrax latus* (Teleostei, Lateolabracidae) from Pacific Ocean side of Tohoku region, Japan and investigation of the distribution range based on the environmental DNA database

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 & Coastal Ecosystem Science, Onagawa Field Center, Graduate School of Tohoku University, 2-10-1, Konori, Onagawa, Oshika, Miyagi 986-2248, Japan.

*Corresponding author, e-mail: minoru.ikeda.a6@tohoku.ac.jp, Tel: +81-225-53-2436.

Abstract

The blackfin seabass *Lateolabrax latus* is distributed in the warm-temperate region of East Asia. On the coasts of Japanese Archipelago, the distribution of this species is mainly south of the Noto Peninsula on the Sea of Japan side and south of Ibaraki Prefecture on the Pacific Ocean side, whereas there have been no collection records from the Pacific Ocean side of the Tohoku region. This paper presents the first record of *L. latus* from the Pacific side of the Tohoku region. Two juvenile specimens were collected at the seagrass bed in Koyadori Fishing Port, Onagawa Town, Miyagi Prefecture (38.4075°N, 141.5020°E) on 27 March 2023. Based on the morphological characteristics and results of molecular phylogenetic analysis of mitochondrial DNA, the specimens were identified as *L. latus*. Furthermore, we examined the possibility that the distribution of this species has expanded north of the Tohoku region utilizing the ANEMONE Database. The eDNA of this species was detected, even though in extremely small amounts, at four sites on the Pacific Ocean side of Tohoku and Hokkaido regions, implying expansion of distribution of this species to more northern areas.

Key words: blackfin seabass; *Lateolabrax latus*; Tohoku region; Pacific Ocean side; distribution; eDNA

緒言

スズキ科スズキ属のヒラスズキ *Lateolabrax latus* の日本での分布は、日本海側では能登半島以南、太平洋側では茨城県から大隈諸島までの沿岸域である (村瀬ら 2012; 波戸岡 2013; 本村 2020)。日本に分布するスズキ属魚類は、ヒラスズキの他に、スズキ *L. japonicus* と移入種のタイリクスズキ *L. maculatus* が知られている (波戸岡 2013; 本村 2020)。ヒラスズキの成魚は、体高が高いこと、尾柄が太く短いこと、背鰭軟条数が 15 以上であること、側線下方鱗数が 16 以下であることによって他の 2 種とは区別されている (Katayama 1957; 横川 2002; 波戸岡 2013)。また、

稚魚期においては、本種の体側正中線に形成される破線状の黒色素胞列、眼窩上の小棘の欠如、頭部棘の形成により他の 2 種とは区別されている (指田・木下 2014)。

ヒラスズキの分布は、同属のスズキの分布が北海道南部から九州までの日本列島沿岸であるのに対して南方寄りで、最近では喜界島や徳之島といった中琉球の沿岸でも本種が釣獲されている (中村ら 2021; 2022)。また、より北方からの記録としては、2013 年に東北地方日本海側の秋田県男鹿市沿岸で 1 個体が釣獲された例がある (舟木 2014)。これらの知見を踏まえると本種の地理的分布はこれまでに考えられていたよりも広く、よ

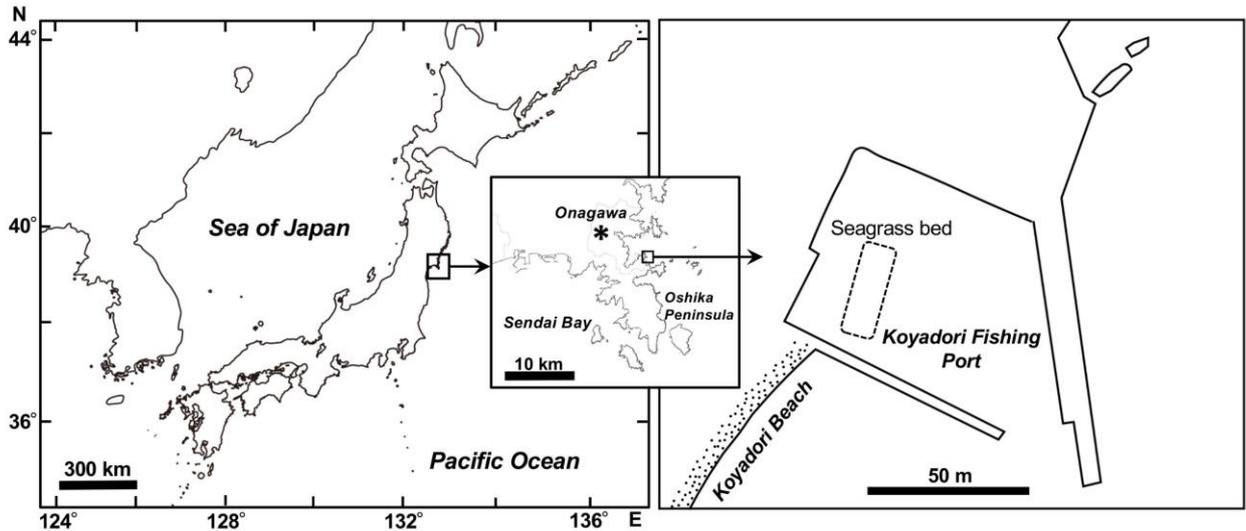


Fig. 1. Geographical location of Koyadori Fishing Port, Onagawa Town, Miyagi Prefecture, Japan, where the specimens of the genus *Lateolabrax* were collected in this study.

り北方へ分布を拡大させている可能性がある。しかし、現在まで茨城県以北の太平洋側からの採集記録はなかった。著者らは、2022年12月から2023年4月にかけて宮城県牡鹿郡女川町小屋取漁港内のアマモ場からスズキ属魚類の稚魚4個体を採集し、そのうちの2個体が形態的特徴とミトコンドリア (mt) DNA の塩基配列情報によってヒラスズキであることが示された。これらの標本は、東北地方太平洋側における本種の初記録であるため、ここに報告する。また、最近、環境DNA (eDNA) 分析による日本沿岸の魚類の多様性観測網から得られたデータベース (All Nippon eDNA Monitoring Network Database: ANEMONE DB) が公開され、各地の魚種組成を把握できるようになっている。本種の地理的分布もこのデータベースによって把握することが可能と考えられる。そこで、ANEMONE DB を利用して東北地方や北海道の太平洋側沿岸でも本種のeDNAが検出されているのかどうかを調べ、当該海域における本種の分布について検討した。

材料と方法

採集と同定

スズキ属魚類の稚魚標本を採集した宮城県牡鹿郡女川町小屋取漁港の地理的位置 (38.4075°N,

141.5020°E) を Fig. 1 に示す。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* から構成される小規模なアマモ場 (約 440 m²) が形成されている。著者らはこのアマモ場における仔稚魚の種組成を把握することを目的として2022年5月より定期的に採集調査を行っている。本研究に関わる採集は2022年12月20日と2023年3月27日および2023年4月7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 × 高さ1 m；袋部：幅1 m × 高さ1 m × 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。採集した稚魚標本は現地で氷冷して研究室に運搬し、0–6 °C で冷蔵保存した。その後、標本を写真撮影し、デジタルノギスによって全長を計測した後、99.5 %エタノールで固定した。固定後、標本をアリザニンレッドで染色し、実体顕微鏡を用いて観察した。外部形態による種同定は木下 (2014) および指田・木下 (2014) に従った。

DNA 分析

各標本の尾鰭および尾部筋肉の一部を試料とし、QuickGene DNA tissue kit S と QuickGene Mini80 (いずれも KURABO) を用いて DNA を抽出した。抽出はキットに添付されているマニュアル

Table 1. List of primers used in this study. Underlined parts in the primer sequences represent M13 tails.

| Target region | Primer Name | Sequences (5'-3') | Reference of original primers |
|---------------|---------------------|--|-------------------------------|
| 16S rDNA | 16SarL (Forward) | <u>TGTA</u> AAACGACGGCCAGTTCGCCTGTTTATCAAAAACAT | Palumbi (1996) |
| | 16SbrH (Reverse) | CAGGAAACAGCTATGACCGGTCTGAACTCAGATCACGT | Palumbi (1996) |
| COI | VF2_t1 (Forward) | <u>TGTA</u> AAACGACGGCCAGTTCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC | Ward et al. (2005) |
| | FishF2_t1 (Forward) | <u>TGTA</u> AAACGACGGCCAGTTCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC | Ward et al. (2005) |
| | FishR2_t1 (Reverse) | CAGGAAACAGCTATGAACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA | Ward et al. (2005) |
| | FR1d_t1 (Reverse) | CAGGAAACAGCTATGAACTTCAGGGTGTCCGAARAAYCARAA | Ward et al. (2005) |

ルに従った。抽出された DNA をテンプレートとし、ミトコンドリア (mt) DNA の 16S rDNA および COI のそれぞれの部分領域について、Ivanova et al. (2007) を改変した荒見ら (2011) に従って PCR 法により増幅した。PCR 反応液の組成は、鋳型 DNA 溶液 1.0 μ L、10 \times Buffer (TOYOBO) 1.25 μ L、dNTP Mixture 1.25 μ L、プライマー (50 μ M) 各 0.25 μ L、Blend Taq-Plus (TOYOBO) 0.125 μ L とし、全量が 13 μ L となるように超純水を加えた。用いた全てのプライマーの 5' 末端には M13 配列を付加した (Table 1)。4 種類のプライマーを用いた COI の場合も各プライマーを 0.25 μ L ずつ PCR 反応液に加えた。PCR の温度サイクル条件は、最初の熱変性を 94 $^{\circ}$ C で 2 分間行った後、94 $^{\circ}$ C 30 秒間 \cdot 52 $^{\circ}$ C 40 秒間 \cdot 72 $^{\circ}$ C 60 秒間のサイクルを 35 回行い、最終伸長反応は 72 $^{\circ}$ C 7 分間とした。1% アガロースゲル電気泳動により増幅断片の有無を確認した後、AMPURE XP (Beckman Coulter) を用いて精製した。サイクルシーケンスには BigDye Terminator Sequencing Standard Kit ver. 3.1 (Life Technology) を用い、M13F (-21) (TGTA~~AAACGACGGCCAGT~~) と M13R (-27) (CAGGAAACAGCTATGAC) (Messing 1983) をそれぞれシーケンスプライマーとして両鎖からの反応を行った。反応液の組成と温度サイクル条件ならびに反応後の精製はキットに添付のマニュアルに従った。精製後、3500 XL Genetic Analyzer (Life Technology) によるキャピラリー電気泳動を行い、塩基配列を決定した (16S rDNA: 559–587 bp ; COI: 665 bp)。得られた塩基配列データは、DNA データバンクに登録されているヒラスズキ (16S rDNA: KR780681, AF247439 ; COI: KR780681)、スズキ (16S rDNA: AF247483,

KR780682 ; COI: HM180644, KR780682)、タイリクスズキ (両領域ともに KP408212, KR780683, KT852999)、アウトグループとしてのニシウミスズキ *Dicentrarchus labrax* (両領域ともに KJ168064) の塩基配列を併せて CLUSTAL W (Thompson et al. 1994) によるマルチプルアラインメントを行った。木村の 2 パラメーターモデル (K2P) (Kimura 1980) を採用した配列間の塩基置換率を算出し、採集標本を含めたスズキ属における種内と種間の塩基置換率の平均値と標準偏差 (% \pm SD) を求めた。また、配列間の塩基置換率を進化距離として近隣結合法 (NJ 法) (Saitou and Nei 1987) により分子系統樹を構築した。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。以上の解析は MEGA 11 (Tamura et al. 2021) を用いて行なった。

ANEMONE DB による分布状況の把握

日本沿岸におけるヒラスズキの eDNA レベルでの分布状況を把握するため、2022 年 5 月までに ANEMONE データベース (<https://db.anemone.bio>) に登録されていた 141 地点 994 件の eDNA データを参照した。なお、データベース中に塩基配列が登録されていたスズキ属魚類は、スズキ *L. japonicus* とスズキ属の未同定種 (unidentified *Lateolabrax*) であり、ヒラスズキ *L. latus* としての登録はなかった。そのため、未同定種の中にヒラスズキの塩基配列が含まれていると考えられた。そこで、R version 4.3.1 (R Core Team 2023) の tidyverse パッケージ (Wickham et al. 2019) を使用してデータベース中に登録されているスズキおよび同属の未同定種の塩基配列を全て収集した。その後、これらの塩基配列と、

DNA データバンクに登録されているスズキ (MW166212 と KR780682)、ヒラスズキ (AB938173 と KR780681)、タイリクスズキ (KR780683 と KT85299)、アウトグループとしてのニシウミスズキ (KJ168064) の 12S rDNA の塩基配列を含め、MEGA11 を用いて K2P を採用した塩基置換率と NJ 法による分子系統樹を構築した。系統樹内に各種に対応するクレードが形成されたことを確認し、ヒラスズキの参照配列 (AB938173 と KR780681) と同じクレードに含まれる配列をヒラスズキのものとみなした。ヒラスズキの配列が検出された地点のデータから調査日、緯度と経度、リード数、配列コピー数を抽出し、各地点の地理的位置を ArcGIS Pro 3.0.3 を用いて地図上にプロットした。なお、配列コピー数は 1 L あたりのコピー数に変換し、同一地点で採水時期や深度の異なる複数のデータがあった場合には最も高いコピー数を示すデータを採用した。

結果

形態による種同定

採捕されたスズキ属魚類は、2022 年 12 月 20 日に 1 個体 (標本番号: KOY-0427、全長 11.28 mm)、2023 年 3 月 27 日に 2 個体 (KOY-0439 と KOY-0440、全長はそれぞれ 12.95 mm と 13.56 mm)、2023 年 4 月 7 日に 1 個体 (KOY-0452、17.44 mm) の計 4 個体で、いずれも稚魚期であった。4 個体のうち KOY-0427 と KOY-0439 について Fig. 2 に示す。いずれの標本も肛門が体中央よ

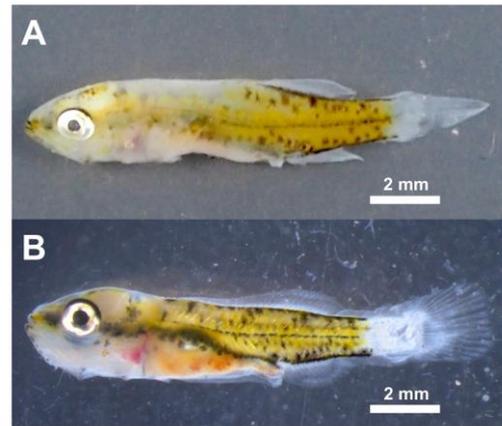


Fig. 2. Specimens of the genus *Lateolabrax* collected at Koyadori Fishing Port, Onagawa Town, Miyagi Prefecture. A: *L. latus* (KOY-0439); B: *L. japonicus* (KOY-0427).

りもやや後方にあつて、尾部の背縁および腹縁部を色素が縁取るといった日本産スズキ科スズキ属における稚魚の特徴 (木下 2014) を有しており、スズキとヒラスズキに特有な体側正中線上の破線状の黒色素胞列 (指田・木下 2014) が認められた。稚魚期のヒラスズキとスズキは眼窩上の小棘の有無によって区別することができる (指田・木下 2014)。得られた標本のうち 2 個体 (KOY-0427 と KOY-0452) は眼窩上に小棘を有しており、残りの 2 個体 (KOY-0439 と KOY-0440) は小棘を有していなかったため、前者がスズキで後者がヒラスズキと同定された (Fig. 3)。

DNA 分析

ヒラスズキと同定できた 2 標本 (KOY-0439 と KOY-0440) およびスズキと同定できた 2 標本 (KOY-0427 と KOY-0452) について決定した 16S

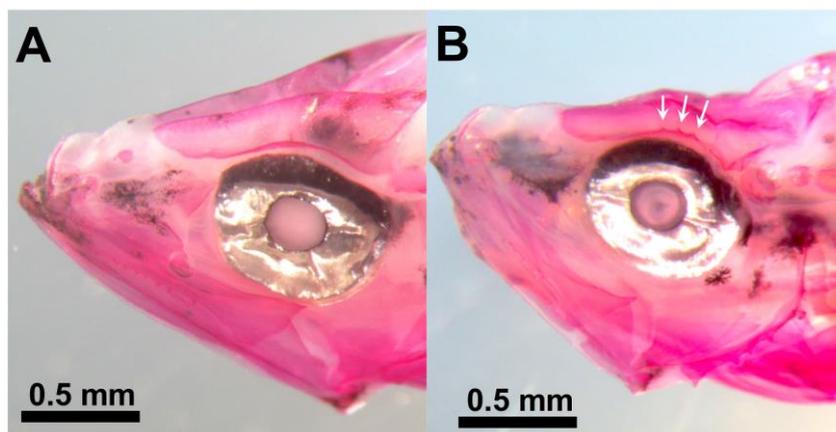


Fig. 3. Comparison of the heads of two *Lateolabrax* species collected in this study. A: *L. latus* (KOY-0440); B: *L. japonicus* (KOY-0427). The arrows indicate the supra-orbital spines.

Table 2. Average nucleotide substitution rates (% ± SD) in the 16S rDNA and COI sequences within/between three *Lateolabrax* species examined in this study.

| Species (Acc. and specimen Nos.) | <i>L. latus</i> | <i>L. japonicus</i> | <i>L. maculatus</i> |
|---|------------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|
| <i>L. latus</i> (KR780681, AF247439, KOY-439, KOY-440) | <u>0.000±0.000</u> 0.203±0.072 | — | — |
| <i>L. japonicus</i> (AF247438, KR780682, HM180644, KOY-0427, KOY-0452) | <u>6.665±0.399</u> 15.717±0.177 | <u>0.381±0.381</u> 0.381±0.289 | — |
| <i>L. maculatus</i> (KP408212, KR780683, KT852999) | <u>6.820±0.000</u> 16.658±0.104 | <u>1.245±0.375</u> 7.350±0.288 | <u>0.000±0.000</u> 0.407±0.287 |

The underlined and ununderlined values correspond to 16S rDNA and COI, respectively.

rDNA および COI の塩基配列を含めたスズキ属 3 種の種内および種間における塩基置換率の平均値と標準偏差 (% ± SD) を Table 2 に示す。16S rDNA および COI のどちらの塩基配列においても種間の値は種内の値を大きく上回った。16S rDNA と COI の分子系統樹を Fig. 4 に示す。どちらの系統樹においてもヒラスズキ、スズキおよびタイリクスズキに相当する 3 クレードが形成され、高いブートストラップ値 (94–100 %) によって各クレードの単系統性が支持された。形態の特徴からスズキと同定された 2 標本 (KOY-0427 と

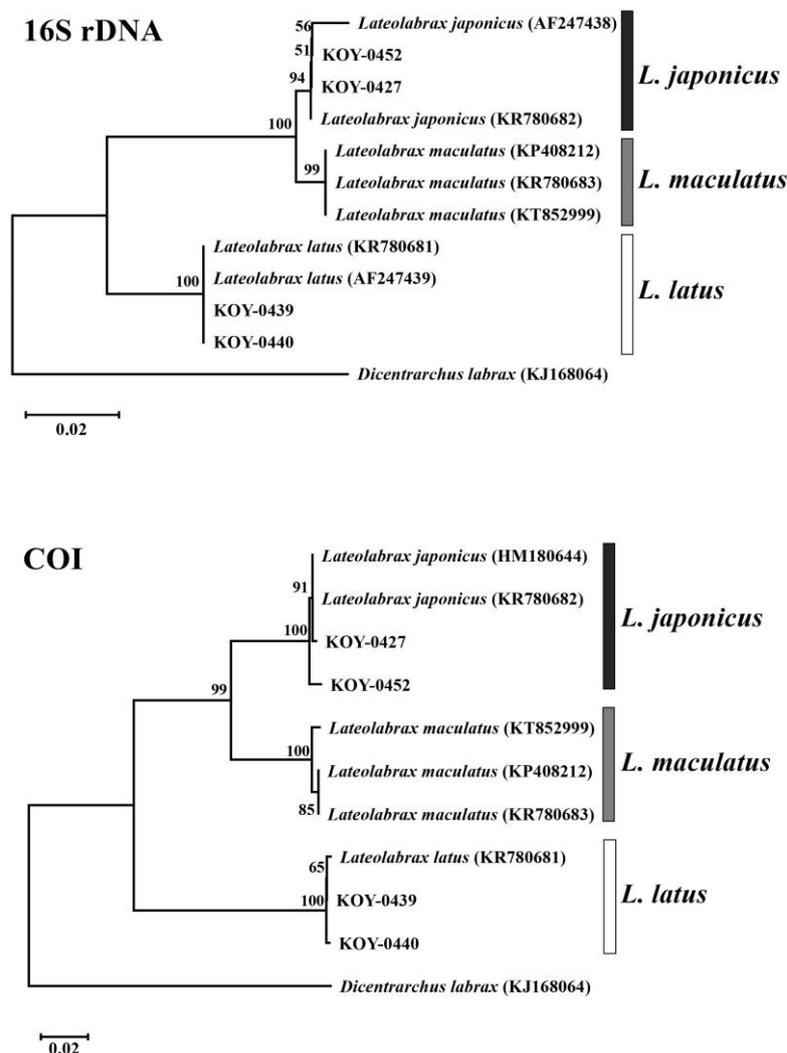


Fig. 4. Neighbor-joining trees constructed from 16S rDNA and COI sequences of three species of the genus *Lateolabrax* including the specimens collected in this study. Numbers on branch nodes show probabilities of the result of 1000 bootstrap replications test. Scale bars represent 0.02 nucleotide substitutions per sequence position. Accession numbers for 16S rDNA and COI sequences for each specimen are as follows. 16S rDNA: LC802689 (KOY-0427), LC802690 (KOY-0439), LC802691 (KOY-0440), LC802688 (KOY-0452); COI: LC802686 (KOY-0427), LC802684 (KOY-0439), LC802687 (KOY-0440), LC802685 (KOY-0452).

KOY-0452) とヒラスズキと同定された 2 標本 (KOY-0439 と KOY-0440) は各種のクレードに含まれ、形態による同定結果と一致した。

ANEMONE DB による分布状況の把握

ヒラスズキの配列が含まれていたのは 33 地点

であった。地点ごとの配列コピー数 (No. of copies/L) を示した結果を Fig. 5 に示す。ヒラスズキの分布域とされる日本海側の能登半島以南および太平洋側の茨城県から九州に至る 29 地点 (No. 5–33) では、4 地点 (No. 26, 27, 29, 30) でコピー数が 0.08–0.20 (リード数は1または2)

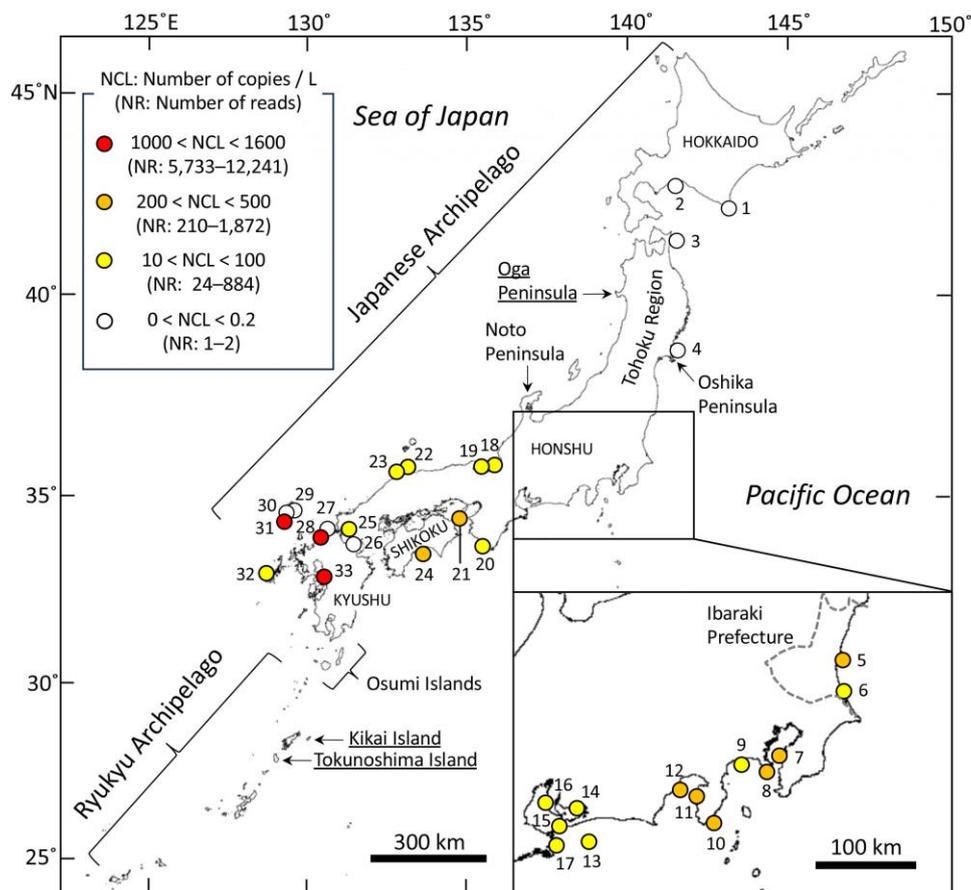


Fig. 5. Locations in the Japanese Archipelago where *Lateolabrax latus*'s eDNA was detected in the ANEMONE database and the number of copies. According to past references, the distribution range of *L. latus* in the past literatures is west of the Noto Peninsula on the Sea of Japan side and west of the Ibaraki Prefecture coast on the Pacific side, extending to the Osumi Islands. Recently, this species has been recorded from the Oga Peninsula on the Sea of Japan side and from Kikai and Tokunoshima Islands in the Ryukyu Archipelago. The data codes for each location in the ANEMONE database are as follows; 1: 20210723T0600-HUF-Erimomisaki-Boat; 2: 20200623T0530-TMK-Horonaigawa; 3: 20201019T0430-HUF-MutsuSekine; 4: 20200109T0155-SZW-Takahama; 5: 20201025T0030-EWJ-2020-Hiraisokaigan; 6: 20201018T0130-EWJ-2020-Akashikaigan; 7: 20201007T0500-EWJ-2020-Futsumisaki; 8: 20201017T2330-EWJ-2020-Kannonzaki; 9: 20210811T0300-EWJ-2021-KataseEnoshima; 10: 20200528T0555-SMD-Shimoda; 11: 20201024T0445-EWJ-2020-Toikaigan; 12: 20201024T0250-EWJ-2020-Mihonomatsubara; 13: 20201116T0300-UTF-Hamamatsu; 14: 20210807T0900-EWJ-2021-IrakoPort; 15: 20201020T0407-EWJ-2020-TerabeBeach; 16: 20201003T0638-EWJ-2020-Okudakaigan; 17: 20200825T0100-SMB-SugashimaRinkai; 18: 20171218T0103-KUM-Otomi-Surface; 19: 20191015T0110-KUM-Nagahama; 20: 20200813T2100-SMB-Shirahama; 21: 20210731T0400-EWJ-2021-Oishimisaki; 22: 20200731T0155-SMU-Mihonoseki; 23: 20200627T0435-SMU-EtomoPort; 24: 20201024T0032-EWJ-2020-Tanezaki; 25: 20201024T0230-EWJ-2020-Motoyamamisaki; 26: 20210731T0150-EWJ-2021-Oshindenkaigan; 27: 20201125T0500-KRF-Kasuya; 28: 20200911T0015-KUE-IP-E; 29: 20200917T0525-KUE-Kamitsushima5; 30: 20200917T0430-KUE-Kamitsushima4; 31: 20200917T0850-KUE-Shimotsushima3; 32: 20200612T0420-KUE-Gotoh1; 33: 20200603T0800-AKU-Hiai.

と低い値を示したが、他の 24 地点のコピー数は 11.8–1518.1 (リード数は 24–12,241) と比較的高い値を示した。分布域外の北海道および東北地方の太平洋側の 4 地点 (No. 1–4) 中には本研究の調査地に近い志津川湾も含まれていたが、どの地点においてもコピー数は 0.03–0.10 (リード数は 1 または 2) と低い値であった。

考察

小屋取漁港から得られたスズキ属魚類の 4 標本のうち 2 標本 (KOY-0439 と KOY-0440) は、形態的特徴と mtDNA の塩基配列分析により、ヒラスズキと同定された。これまでに東北地方の太平洋側では成魚や稚魚も含めた本種の採集記録はなく、東北地方太平洋側における初記録ならびに日本列島太平洋側における北限記録である。

小屋取漁港の位置する宮城県の周辺海域では、暖流の黒潮と寒流の親潮、さらに日本海からの津軽暖流が接している。これらの海流のうち、南方から北上する黒潮は房総半島付近で東方沖合へと流れ出て黒潮続流となるが、黒潮続流が房総半島を北上することで黒潮系暖水が東北地方南部に達することが知られている (今脇・市川 1991; 楊ほか 2001; 水野 2006)。そのため、南方性の魚種が黒潮によって輸送され、宮城県を含む東北地方南部に出現することも珍しくない (酒井 1986; 井口ほか 2005)。宮城県沿岸の魚類相について網羅的に報告した座間 (2001) によれば、ヒラスズキは含まれていないが、黒潮の影響により出現したと考えられる暖水性魚類 11 目 52 科 89 種が示されている。最近の宮城県沿岸では、例年春季に宮城県海域まで南下していた親潮第一分枝が北偏する年が多く、黒潮系の暖水が三陸沖まで北上するようになり、漁獲対象種では、サケ *Oncorhynchus keta* やイカナゴ *Ammodytes japonicus* を含む一部の冷水性魚類が減少し、タチウオ *Trichiurus japonicus*、チダイ *Evynnis tumifrons* やマダイ *Pagrus major* などの暖水性魚類が増加している (高橋 2022; 宮城県水産技術総合センター 2022)。さらに、テングヨウジ *Microphis (Oostethus) brachyurus brachyurus*、オオクチュゴイ *Kuhlia*

rupestris、クロホシマンジュウダイ *Scatophagus argus*、ボウズハゼ *Sicyopterus japonicus*、コバンアジ *Trachinotus bailloni*、テンジクダイ *Jaydia lineata* といった漁獲対象ではない暖水性魚類も宮城県初記録として報告されるようになった (旗 2020; 赤池・旗 2022; 石川・長岡 2023)。これらの魚種が宮城県沿岸に出現するようになった要因としては、黒潮の他に津軽暖流の影響も考慮する必要があるが、2022 年 12 月から 2023 年 5 月下旬にかけては黒潮続流の北限位置が極端に北偏で推移しており (国立研究開発法人水産研究・教育機構 2023)、東北地方の太平洋側では例年よりも暖水性魚類が北上しやすい海況が形成されたと考えられる。2023 年 5 月に宮城県からテンジクダイを初記録した石川・長岡 (2023) は、北偏した黒潮続流の影響により高水温で高塩分の黒潮系水が例年以上の勢力で宮城県沿岸に波及していたことをテンジクダイが出現した要因として挙げている。本研究におけるヒラスズキ稚魚の採集時期も黒潮続流が北偏した時期と一致しており、テンジクダイと同様の要因によって太平洋側の南方から小屋取漁港に輸送されてきた可能性が高いと考えられる。

ヒラスズキの eDNA の地理的分布を調べた結果、本種の配列が検出された 33 地点中 29 地点は従来の分布域内であったが、残りの 4 地点は東北地方と北海道の太平洋側であった。従来の分布域よりも北に位置する複数の地点で本種の eDNA が検出されたことは太平洋側での本種の分布がより北方へ拡大していることを示唆しているのかもしれない。しかし、検出された eDNA が本種の生活史中のどのステージで放出されたのかは不明であり、eDNA の結果のみでは本種が定着しているのかあるいは無効分散なのかを判断することはできない。また、これら 4 地点でのコピー数やリード数は、分布域内での値と比較すると極めて低く、リードの検出に至るまでの様々な段階でのコンタミネーションを疑う必要もある。今後、本種のより北方への分布の拡大を検証するためには、本研究のような稚魚の採集情報や成魚の漁獲・釣獲情報、そして eDNA

のデータを収集し、統合化した解析を行うことが必要と考えられる。

謝辞

本研究は、文部科学省特別教育研究経費連携融合事業「地球共生型新有機性資源循環システムの構築」の支援を受けた。本研究で使用した ANAMONE DB は、JSPS 科研費 19H05641 の助成により構築された。また、川津一隆博士（東北大学生命科学研究科）には ANEMONE DB のデータ利用についてご指導と便宜を賜った。厚く御礼申し上げます。

引用文献

- 赤池貴大・旗 薫 (2022). 宮城県から得られた北限記録のコバンアジ. *Ichthy, Natural History of Fishes of Japan* 20: 39–43.
- 荒見真一郎・佐藤恵美・布施 聡 (2011). DNA バーコーディングの魚種同定への適用性. *食品衛生学雑誌* 52: 205–210.
- 舟木信一 (2014). 秋田県男鹿市で採集されたヒラスズキ. *秋田県立博物館研究報告* 39: 13–14.
- 旗 薫 (2020). 宮城県内の河川で採集された県内初記録となる暖水性魚類. *伊豆沼・内沼研究報告* 14: 69–80.
- 波戸岡清峰 (2013). スズキ科. 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. 748.
- 井口恵一朗・阿部信一郎・稲葉 修 (2005). 北限記録を更新しているボウズハゼ. *魚類学雑誌* 52: 159–161.
- 今脇資郎・市川 香 (1991). 人工衛星海面高度計で見た黒潮続流の変動. *海と空* 67: 133–151.
- 石川哲郎・長岡生真 (2023). 宮城県初記録のテンジクダイ. *Ichthy, Natural History of Fishes of Japan* 35: 1–4.
- Ivanova, N. V., Zemlak, T. S., Hanner, R. H., Hebert, P. D. N. (2007). Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Mol. Ecol. Notes* 7: 544–548.
- Katayama, M. (1957). Four new species of serranid Fishes from Japan. *Jpn. J. Ichthyol.* 6: 153–159.
- 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.
- 木下 泉 (2014). 海産仔稚魚のための科の検索. 沖山宗雄 (編), *日本産稚魚図鑑 第二版*. 東海大学出版会, 秦野.
- 国立研究開発法人水産研究・教育機構 (2023). 東北海区海況予報. https://www.fra.affrc.go.jp/pressrelease/pr2023/20230728_tohoku/index.html. (参照 2023 年 12 月 12 日).
- Messing, J. (1983). New M13 vectors for cloning. *Methods Enzymol.* 101: 20–78.
- 宮城県水産技術総合センター (2022). 新・みやぎ・シー・メール第 47 号. <https://www.pref.miyagi.jp/documents/1119/seamail47.pdf>. (参照 2023 年 3 月 19 日).
- 水野拓治 (2006). 2001 年春季の福島県いわき市沿岸でみられた海況の急変. *福島県水産試験場研究報告* 13: 77–79.
- 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.
- 村瀬敦宣・宮崎佑介・瀬能 宏 (2012). 屋久島産標本に基づくヒラスズキ *Lateolabrax latus* の再記載と河川における生息状況. *魚類学雑誌* 59: 11–20.
- 中村潤平・大富 潤・本村浩之 (2021). 奄美群島喜界島から得られた標本に基づく琉球列島初記録のヒラスズキ. *Ichthy, Natural History of Fishes of Japan* 14: 13–16.
- 中村潤平・是枝玲旺・北村憲吾・本村浩之 (2022). 奄美群島徳之島から得られたヒラスズキ. *Nature of Kagoshima* 49: 53–55.
- Palumbi, S. R. (1996). Nucleic acids II: The polymerase chain reaction. *Molecular Systematics*, 2nd edition. Hillis, D.M., Moritz, C., Mable, B. K. (Eds.). Sinauer & Associates Incorporated, Sunderland, Massachusetts, USA, p. 205–247.
- R Core Team (2023). R: A Language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Saitou, N., Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4: 406–425.
- 酒井敬一 (1986). 魚類図鑑南三陸の沿岸魚. 志津川町役場, 志津川.
- 指田 穰・木下 泉 (2014). スズキ科. 沖山宗雄 (編), *日本産稚魚図鑑 第二版*. 東海大学出版会, 秦野, p. 661–666.
- 高橋清孝 (2022). 海水温上昇による仙台湾と三陸沿岸の魚種交替. *JAFIC Technical Review* 1: 1–10.
- Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Mol. Biol. Evol.* 38: 3022–3027.
- Thompson, J. D., Higgins, D. G., Gibson, T. J. (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of

progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucl. Acids Res.* 22: 4673–4680.

- 楊 燦守・田中 仁・沢本正樹・花輪公雄 (2001). 1999 年 6 月の相馬海域における異常漁獲現象に対する黒潮移流の影響. *水工学論文集* 45: 1057–1062.
- 横川浩治 (2002). 東アジアのスズキ属. 田中克・木下 泉 (編), *スズキと生物多様性—水産資源生物学の新展開*. 恒星社厚生閣, 東京, p. 114–126.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Phil. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.* 360: 1847–1857.
- Wickham, H., Averick, M., Bryan, J., Chang, W., McGowan, L. D., François, R., Grolemund, G., Hayes, A., Henry, L., Hester, J. et al. (2019). Welcome to the tidyverse. *J. Open Source Softw.* 4: 1686.
- 座間 彰 (2001). *宮城県の魚類相*. 自費出版. 石巻.

Received: 10 March 2024 | Accepted: 23 March 2024 | Published: 2 April 2024