

令和 5 年 6 月 21 日現在

機関番号：17301

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19H00952

研究課題名(和文) プリ類のホットスポット東シナ海から日本産プリ類の由来と進化を探る

研究課題名(英文) Origin and evolution of marine fishes in the genus *Seriola* (Carangidae) in the East China Sea

研究代表者

阪倉 良孝 (Sakakura, Yoshitaka)

長崎大学・水産・環境科学総合研究科(水産)・教授

研究者番号：20325682

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 35,000,000円

研究成果の概要(和文)：プリ属3種の東シナ海における回遊パターンを調べた。プリに、既知の日本海を南北に回遊する群に加え、新たに東シナ海に留まる群を発見した。カンパチの産卵場を台湾東部に特定したが、日本側に生息する個体は地先水域に留まった。対馬海峡周辺でヒラマサの仔魚を初めて多数採集し、ヒラマサの産卵場推定の鍵を得た。ヒレナガカンパチの全ゲノムデータを得て、プリ属4種の進化的特徴と、交雑の可能性を検討する基盤を整えた。その結果、プリ属内で複数の種間交雑を発見し、近年の日本近海環境変動によりプリ属の種の境界がゆらいているという仮説が提示された。また、プリ属の性決定遺伝子がHsd17b1遺伝子であることを明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

これまでプリ属のすみ分けがなされていた東シナ海において、複数の種間で産卵場と産卵期の重複による種間交雑の起こっていることが示され、環境変動の影響により種の境界が揺らいていることが示唆された。また、ヒラマサとカンパチの主産卵場が我が国の経済水域外にあることが分かった。プリ稚魚の採捕について我が国は許可漁業制を布いており、この漁業管理の奏功がプリの良好な資源状態の維持に一役買っていると考えられる。一方、ヒラマサとカンパチについては、稚魚の漁獲規制が曖昧で、また、産卵場が国外にあることから、より詳細な繁殖生態と系群に関わる科学的な知見を集積して、国際協調による資源管理にあたる必要があると考える。

研究成果の概要(英文)：We revealed migration patterns in the genus *Seriola* in the East China Sea (ECS). We found *S. quinqueradiata* population that stays in ECS besides the formerly known north-south migration between ECS and Japan Sea. The major spawning ground of *S. dumerili* was located at the eastern Taiwan but the individuals in the Japanese waters were found not to migrate to Taiwan. Larvae of *S. lalandi* were caught around Tsushima strait suggesting that the spawning ground will be located at north-west part of ECS. We evaluated the genome data of 4 *Seriola* species and found several natural hybrids from our specimen indicating that boundary of *Seriola* species is fluctuating presumably due to climate change. We identified the sex determining gene in *Seriola* as Hsd17b1 gene and developed genetic marker for identifying the genetic sex of *Seriola*.

研究分野：水圏生産科学

キーワード：プリ属 繁殖生態 バイオロギング ゲノム 回遊 交雑

1. 研究開始当初の背景

世界的に魚食の有用性が認知され消費量が上昇する中で、ブリ類(ブリ、ヒラマサ、カンパチ等のブリ属の魚類)の養殖が急激に広まっている。日本はブリ類の養殖生産量 15 万トンを誇り、世界の生産量の 80%を占めるブリ類養殖大国であり輸出国でもある。日本のブリ類養殖は、我が国の固有種であるブリ (*Seriola quinqueradiata*) の生産が専らであったが、近年は対象種の多様化が進み、カンパチ (*S. dumerili*) の生産量が 30%強に達し、ヒラマサ (*S. lalandi*) も少ないながらも着実に養殖生産が増えている。ブリ類の養殖種苗には海で採捕された天然種苗と、いわゆる完全養殖で卵から人の手で育てられた人工種苗の 2 種類があるが、諸外国のブリ類養殖では人工種苗を用いているのに対し、我が国のブリ類養殖種苗は東シナ海で採捕される天然種苗にほぼ全てを依存している。人工種苗の場合はその由来は明確であるのに対し、天然種苗の由来を追跡するためには遺伝的な情報を用いるしかなく、さらに、これらが持続可能な漁法で採捕されたことを示さなければならない。日本のブリの種苗採捕には厳しい漁獲量制限があるが、カンパチとヒラマサの種苗にはこれらの規制がないのが現状である。したがって、我が国のブリ類養殖を世界レベルで展開していく際に必要となるのは、東シナ海産ブリ類の由来を示す確からしい遺伝マーカーの開発と、種苗採捕の規制のないブリ以外の種(カンパチやヒラマサ)の資源生態学的情報の集積、である。ところが、東シナ海のブリ類について近年分類学的な混乱が生じている。さらに、ブリの生態に関する研究史は古く 1950 年代からの知見の蓄積がある一方、カンパチについては申請者の研究グループがここ数年で東シナ海における繁殖生態と回遊ルートを明らかにしたレベルで、ヒラマサや他の種類については皆無に近い状況にあった。

ブリ類、すなわちブリ属 (genus *Seriola*) 魚類は世界中の暖海に生息している。現時点でブリ属の有効種は 9 種で、そのうちおよそ半数にあたる 4 種(ブリ *Seriola quinqueradiata*、ヒラマサ *S. lalandi*、カンパチ *S. dumerili*、ヒレナガカンパチ *S. rivoliana*) が東シナ海に生息し利用されている。これら 4 種は東シナ海に同所的に出現が確認されているだけでなく、少なくとも 3 種の卵および仔稚魚が採集されていることから、東シナ海がブリ類のホットスポットであることは疑いのないと思われる。ブリ類の系統類縁関係について、ミトコンドリアと核ゲノムのシーケンスから、ブリ属は祖先種から 5500 万年前に分岐したと推定されている(引用文献 1)。このことは、ブリ属の種分化が東シナ海で起こっていることも示唆し、ブリ属魚類の進化を探る上でもブリ属が多く同所的に生息する東シナ海は興味深いフィールドであることが窺える。また、ヒラマサ (*S. lalandi*) は世界中に分布するとされてきたが、最近のミトコンドリアと核ゲノムのシーケンスから、日本産(=東シナ海産)ヒラマサはオセアニアのそれと遺伝的に隔離されていることが示された(引用文献 2)。カンパチもまた世界中に分布するが、南シナ海と東シナ海で採捕される種苗のゲノムシーケンスには顕著な差が認められ(引用文献 3) 東シナ海産は mtDNA の CR 遺伝子情報が均一であることから日本産カンパチは全て東シナ海由来と考えられる(引用文献 4)。このように、東シナ海のブリ類の種や系群を明らかにすることは、ブリ類養殖の安全性の担保のみならず、ブリ類の進化の過程を探る上で学術上も大きな課題になると確信した。

さらに、ブリ類の進化を探る上で、生態学的情報は不可欠である。ブリの生態研究が長年の蓄積をもつものに対して、カンパチは近年ようやく産卵場と産卵期が分かってきたレベルで、ヒラマサに至ってはほとんど謎に包まれている。したがって、東シナ海でブリ類がどのような環境要因で産卵時期と産卵場を分化させてきたのかを知るためにも、行動の直接観察を行うことが理想的であると考えた。

2. 研究の目的

本研究の目的は、ブリ類の主産卵場である東シナ海における産卵生態をバイオロギングによる直接観察を実施し、これとゲノム解析を通じた系統類縁関係の再精査を統合することで、我が国のブリ類の由来と進化を明らかにすることである。これらの統合研究によって、我が国におけるブリ類の持続的利用に資する資源学的情報へと整理することを最終目的としている。

3. 研究の方法

東シナ海におけるブリ類の生態と進化を総合的に解明するために、次に掲げる 2 項目の手順で調査・研究を進めることとした。

(1)ブリ類のゲノム解析

バイオロギング時およびフィールド調査で採集されたブリ類の標本からゲノムを抽出して、各ゲノム解析(マイクロサテライト解析および SNP 解析)に供し、系統解析と系群判別を実施した。

研究開始時には日本近海で漁獲されたブリ、ヒラマサおよびカンパチについて各種一個人の全ゲノムリシーケンスデータを既に得ていた。これにヒレナガカンパチおよび外群となる魚種(ツムブリなど)のデータを加えて、ゲノムワイド情報を用いた系統解析をおこな

った。ただし、全ゲノム解析は多数のサンプルを用いた系統解析にはコスト的に向かないので、当初は多種・多体サンプルの系統解析に有効と考えられる遺伝子座候補 (RAG2 など) を数十座抽出して、ブリ属魚類における有効性を検討することとしていた。ところが、4種 (ブリ、カンパチ、ヒラマサ、ヒレナガ) の系統再確認を中国のチームが先行して取り組んでいることが判明した (引用文献 5)。

そこで、種内系群の解析や、種間交雑種の解析に注力することにした。本邦産のブリ類の系群判別においては、全ゲノムレベルの SNP 解析による種内変異データ解析を実施し、東シナ海産ブリ類の種内分化に関する包括的な知見を得るとともに、種や系群を効率的に判別する遺伝マーカーの同定を目指した。特に、カンパチについて、東シナ海産と中国海南島産が真に異なる系群であるか、また、東シナ海産の集団内に地域個体群などの遺伝的分化が見られないか、GRAS-Di 解析などによる SNP マーカーを用いた遺伝構造解析を行ない、地域間の遺伝的分化を明らかにすることを目指した。

(2) ブリ類の行動生態

ブリ、カンパチおよびヒラマサの3種について、魚種別に、産卵期中 (主に4-6月) の、位置情報 (緯度経度)、滞在深度、経験水温、産卵行動 (引用文献 6) を抽出し、産卵場を特定するとともに、その経験環境特性と行動特性から産卵場の成立機構を考察した。具体的には、調査船もしくは漁船を用船して、産卵期直前の4月上旬に成魚を捕獲して状態の良い個体に深度・水温・水平位置 (緯経度) 情報を経時記録できる切り離し浮上式データロガー (以下、ロガー) を取り付け、直ちに放流した。ロガーは放流から産卵期が完全に終了した10月に切り離し装置が作動するように設定した。ロガーから行動記録を得るためには浮上したロガーから衛星経由で通信して取得するか、物理的に回収する必要がある。ブリ、ヒラマサおよびカンパチの3種について、産卵場を同定するとともに、その経験環境と行動特性から産卵場の成立機構を考察した。さらに、長崎大学水産学部附属練習船により、東シナ海における春季の仔稚魚の分布調査を実施し、ブリ属仔稚魚の出現状況と体長組成、および耳石日周輪解析による孵化日組成 (産卵期) の特定を併せて行った。以上より、東シナ海で産卵するブリ類が水温以外のどのような環境要因で産卵時期と産卵場を分化させてきたのかを包括的に考察した。

以上の4年間に亘る調査・研究で得られたパラメータを統合して解析し、東シナ海のブリ類の繁殖生態を特定するとともに、遺伝的な種内変異や種間交雑の有無の解析を通じて、東シナ海産ブリ類の資源状況にかかる基礎データ構築を行った。

4. 研究成果

(1) ブリ類のゲノム解析

ブリ属4種 (ブリ、ヒラマサ、カンパチ、ヒレナガカンパチ) のゲノムリシーケンスデータをもとに、SNP を用いて集団構造解析を行ったところ、4種が明瞭に区別されるとともに、ブリとヒラマサ、カンパチとヒレナガカンパチがそれぞれ近い集団として判別された。

我が国で利用される主要なブリ属3種 (ブリ、ヒラマサ、カンパチ) の多数個体について得た全ゲノム配列データを解析した。この情報を基に、核DNAのITS領域のRFLP解析により3種を簡便に識別できる技法を開発した (引用文献 7)。これまで、ブリ属魚類の種判別に汎用されてきたmtDNAのCytb領域のRFLP解析 (引用文献 8) に加えて、本技法を併せて行うことで、種査定をより確実なものとするとともに、種間交雑の有無も検出可能となった。

2016年から2017年に東シナ海で採集されたカンパチについて、マイクロサテライトマーカーによる遺伝構造解析を行ったところ、日本と台湾間のPairwise FST値は0.0033-0.0091と低く、遺伝的分化は小さかった。一方で、東シナ海産および中国海南島産カンパチについてSNP情報を用いた詳細解析を行った結果、両者間で遺伝的分化が検出され、両者が遺伝的に異なる集団であることが再確認された。したがって、台湾東方水域で産卵されたカンパチの仔稚魚が黒潮に乗って東シナ海を通過して本邦水域へ加入してきたことが明らかになった。また、東シナ海産カンパチ集団内に、これまで知られたものとは遺伝的に異なる集団を見いだした。この集団は、中国海南島産の集団とも明瞭に区別されたことから、これまでに検出できなかった新たな個体群であることが示唆された。この個体群は薩南海域でサンプリングされた個体であり、次に詳述するバイオロギングによる成果と一致した。

ヒレナガカンパチの全ゲノムデータを得たことで、ブリ属4種の進化的特徴と、その交雑の可能性を検討する基盤を整えることができた。この研究リソースを利用して、まず、上記4種の中で性決定遺伝子が未同定であったヒレナガカンパチの性決定遺伝子を探索し、その性決定遺伝子がHsd17b1遺伝子であることを明らかにした。この成果により、日本に存在するブリ属魚類全4種の遺伝的雌雄判別が同一のマーカーで簡易に行えることが判明し、バイオロギングで放流する個体の性別が開腹や生検検査による生殖腺採取を要せずに可能になった。したがって、放流対象個体の鱭の一部を採取して遺伝子解析に供することで、個体の行動履歴の解析を性別を加味して行うことができるようになった。(2)で示すブリ属の行動生態や種判別は上記の成果を利用したものである。

さらに、引用文献 7 で採集したカンパチで交雑が疑われた 1 個体につき、全ゲノム比較解析を行った。その結果、本個体がヒレナガカンパチ母親とカンパチ父親に由来する交雑第一世代であることが明らかとなった。この結果は、近年の日本近海環境変動によりブリ属の種の境界がゆらいでいるという仮説を支持するものであった。

(2) ブリ類の生態

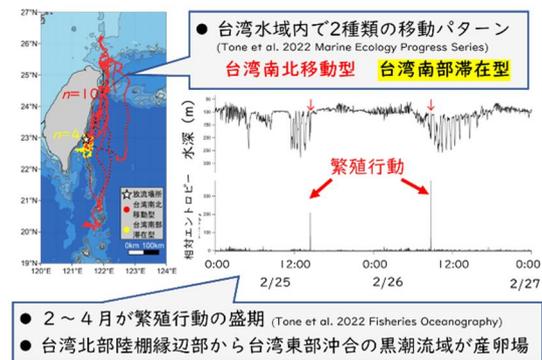
ブリ属 3 種の東シナ海における回遊パターンをおおよそ把握することができた。2019-2022 年の 4-6 月に東シナ海をほぼ網羅する測点において仔魚採集を実施した。その結果、トカラ列島以北から対馬海峡にかけてブリ属の仔魚が出現した。耳石日周輪の解析による推定産卵日はこれまでの知見と一致しており、東シナ海におけるブリ属の産卵期は春季であることを再確認した。

ブリは、これまでに知られる東シナ海と北海道とを南北移動するパターンの他に、新たに夏期に東シナ海に留まるブリの個体群があることを発見した。2019 年 3 月、2021 年 12 月および 2022 年 3 月に長崎県五島市三井楽にて行動記録計を装着した成熟ブリ（尾叉長 72-96cm）を放流し、6 個体の照度記録から移動経路を求めることができた。その結果、対馬暖流域を津軽海峡または韓国東岸まで北上する既存の移動経路に加えて、周年を通じて九州西岸から薩南海域に留まる個体を新たに発見した。この発見により、ここ 10 年以上続くブリの高資源状態を説明する新たな仮説が提示された。すなわち、ブリの成魚の一部は、夏期の北上回遊の際に起こる同種個体間の競争を避け、新たに東シナ海という新しいニッチを獲得して夏期に東シナ海に留まり、これらの個体が冬期に産卵回遊のために東シナ海を南下した結果、産卵場がこれまでよりも南の東シナ海南端に形成されたという仮説である。

カンパチの産卵場が台湾東部にあることを突き止めた（引用文献 9, 10）。春期から夏期に九州沿岸や太平洋沿岸に加入するカンパチの稚魚の耳石日周輪解析と mtDNA の COI 領域の解析により、これらの個体は台湾東部由来であることが示されているが（引用文献 10）本邦水域で漁獲されるカンパチが台湾東部まで産卵回遊を行うのが疑問となった。そこで、行動記録計を装着したカンパチ成魚（尾叉長 82-110 cm）を薩南海域から放流し、11 個体の行動記録を得た。薩南海域から放流した個体は台湾東部の個体よりも移動範囲が狭く、放流した海域の近傍に周年留まった。しかし、回収できたデータの精度が低く、繁殖行動と思われる行動を検出することはできなかった。これらのことは、東シナ海の北側（日本側）に生息するカンパチが地先で産卵する可能性、すなわち、カンパチの産卵場が東シナ海に複数ある可能性が示唆された。また、形態的にはカンパチであるにも関わらずヒレナガカンパチと同じ mtDNA (Cytb 領域) の PCR-RFLP パターンを示す個体が確認されたが、遊泳行動は他の個体と同様であった。この個体は、全ゲノム比較解析を行った結果、ヒレナガカンパチ母親とカンパチ父親に由来する交雑第一世代であることが明らかとなった。

ヒラマサについて、2019 年 4 月にヒラマサ成魚 5 個体のバイオロギング調査を実施し、発信器の回収を行い行動生態の解析に供したが、ゲノム解析による種査定をしたところ、放流した 5 個体のうち 4 個体はブリとの交雑個体であることが判明したため、個体を変えて再度放流をやり直した。2020 年 11 月と 2021 年 6 月にヒラマサ成魚のべ 35 個体に行動記録計を取り付けて放流した。これまでに計 5 個体の行動記録（範囲：4-364 日）を得た。ほぼ 1 年間の行動記録が得られた 1 個体は 8 月から 1 月にかけて壱岐南東部から玄界灘を徐々に北上して 12 月に韓国東岸沖へ到達し、その後 3 月に南下を始め 4 月に再び壱岐南東部に戻ると、西へと移動方向を変えて韓国の済州島北西部へ到達して 6 月中旬まで滞在した後は放流場所の周辺へと回帰した。残る 2 個体は、放流直後から 8 月まで九州西岸を南下して薩南海域に到達し、その後 9 月から再び北上して放流水域へと回帰した。いずれの個体からも繁殖行動と思われる行動を検出することはできなかった。さらに、2022 年 5 月末に対馬海峡周辺水域でヒラマサの仔魚を多数採集することにはじめて成功し、耳石輪紋解析によると産卵日は 5 月初旬にモードが見られ、海流を逆算すると産卵場は済州島南方水域にあると予想された。ヒラマサ親魚が東シナ海北部を回遊していることが示されたことは、仔魚の分布を裏付けるものであった。したがって、ヒラマサの産卵場は東シナ海北西部に限られ、その個体群は全球的に見られる *S. lalandi* とは生殖隔離が起こっているという既報（引用文献 2）の仮説が支持された。ヒラマサとブリの仔魚は同所的に出現し、耳石輪紋数と体長もほぼ等しかったことから、2 種の産卵場と産卵期が同調している可能性が示された。さらに、本課題で開発した ITS 領域の PCR-RFLP 解析により、3 個体がブリとヒラマサの交雑個体であることが明らかになり、ブリとヒラマサ成魚の天然交雑の発見（引用文献 11）を支持するとともに、現に両種の天然交雑の起こっていることを明らかにした。

台湾東部に生息するカンパチ成魚の行動 (Tone et al. 2022)



(3) 東シナ海におけるブリ属の進化と今

中国の研究チームが我々に先んじて進めたブリ属4種(ブリ、ヒラマサ、カンパチ、ヒレナガカンパチ)の系統類縁関係の再解析結果(引用文献5)は、既報(引用文献1)の結果を支持し、ブリとヒラマサ、およびカンパチとヒレナガカンパチが各々の共通祖先種より分岐したことが示されている。我々もまた独自にリシーケンスデータを用いてブリ属4種の判別分析を実施したが、その結果は前述の結果を覆すものではなかった。太平洋西部に侵入したヒラマサが東シナ海を産卵場として定着し、その後ブリが種分化を遂げたと考えられる。ヒラマサの稚魚は流れ藻に付随しないのに対して、ブリは稚魚の間は流れ藻に付随する。この初期生態の違いによって初期生残と生活史初期の分散の様態が異なり、両種の種分化が起こったのであろう。また、亜熱帯性のカンパチと熱帯性のヒレナガカンパチは、各々温度選好性を軸として、すみ分けがなされていた。

一方、東シナ海ではブリとヒラマサやブリとカンパチの天然交雑個体が存在していることも知られており、これらは偶発的に起こった現象であるのかどうかは判然としない(引用文献11)。ところが、我々の調査によって東シナ海におけるブリ属魚類のすみ分けや種分化に揺らぎの生じていることが明らかになった。特に、ヒラマサについては、2019年に採捕した成魚5個体のうち4個体がブリとの交雑個体であったことに加え、2022年には同一日に同一水域で採集されたブリとヒラマサの仔魚のうち5%程度の個体が、ヒラマサまたはブリを母親とする交雑個体で、これらの孵化日や体長組成が、同日に採集されたブリおよびヒラマサのそれらと一致したことから、東シナ海においてブリとヒラマサの産卵場および産卵期に一部重複が起こっており、定期的な交雑が起こっているものと推察された。これは、ブリの夏期の生育場がこれまでの日本北東水域以外に東シナ海にも広がったことや、産卵期が夏期にまで延長していることとも無縁ではあるまい。すなわち、ブリが生息域と産卵期を伸展させたことで、東シナ海北部の限られた水域に限定されていたヒラマサの産卵場と重複が起こり、交雑が起こっているという仮説が提起される。また、ヒレナガカンパチは熱帯性で、我が国における個体数は決して多くないと見積もっていたが、実際には個体数は増えているようで、鹿児島県においてはこれまで区別していなかったカンパチとヒレナガカンパチが、各々銘柄として魚市場に水揚げされるようになってきている。また、これら2種の交雑第一世代を発見したこと(引用文献7の1個体)は、これまでブリ属のすみ分けがなされていた東シナ海において、複数の種間で産卵場と産卵期の重複が起こっていることが強く示唆される。

我が国で養殖種苗として利用されるブリ、ヒラマサおよびカンパチの稚魚は、いずれも天然種苗が主である。このうち、ヒラマサとカンパチの主産卵場は、本研究課題によって我が国の経済水域外にあることが示された。ブリの稚魚の採捕については、我が国は許可漁業による厳しい漁業管理が布かれており、この漁業管理の奏功もまたブリの良好な資源状態の維持に一役買っていると考えられる。一方、ヒラマサとカンパチについては、稚魚の漁獲規制が事実上存在せず、また、産卵場が国外にあることから、より詳細な産卵生態と系群に関わる科学的な知見を集積して、国際協調による資源管理にあたる必要があると考える。

<引用文献>

1. Swart BL, 他3名. Molecular systematics and biogeography of the circumglobally distributed genus *Seriola* (Pisces: Carangidae). *Mol Phyl Evol*, 93, (2015), 274–280.
2. Martinez-Takeshita N, 他6名. A tale of three tails: Cryptic speciation in a globally distributed marine fish of the genus *Seriola*. *Copeia*, 103, (2015), 357–368.
3. Araki K, 他7名. Whole genome sequencing of greater amberjack (*Seriola dumerili*) for snp identification on aligned scaffolds and genome structural variation analysis using parallel resequencing. *International J Genom*, 2018, (2018), 1–12.
4. Hasegawa T, Komeyama K, Kawabe R, Sakamoto T, Sakakura Y, 他10名. Distribution and genetic variability of young-of-the-year greater amberjack (*Seriola dumerili*) in the East China Sea. *Env Biol Fish*. 103 (2020), 833-846.
5. Li S, 他11名. A chromosome-level genome assembly of yellowtail kingfish (*Seriola lalandi*). *Front Gene*, 12, (2022), 1-7.
6. Yasuda T, 他4名. Identifying spawning events in the Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* from depth time-series data. *J Sea Res*, 75, (2013), 33–40.
7. 刀祢和樹, 中村乙水, 米山和良, 坂本 崇, 阪倉良孝, 菊池 潔, 河邊 玲, 他5名. 九州南岸と台湾東部におけるカンパチ *Seriola dumerili* 成魚の遊泳行動の比較. *日水誌*, 89, (2023), 22-33.
8. Iguchi J, Takashima Y, Namikoshi A, Yamashita M. Species identification method for marine products of *Seriola* and related species. *Fish Sci*, 78, (2012), 197–206.
9. Tone K, Komeyama K, Sakamoto T, Nakamura I, Sakakura Y, Kawabe R, 他5名. Migration and spawning behavior of the greater amberjack *Seriola dumerili* in eastern Taiwan. *Fish Oceanogr*, 31, (2022), 1-18.
10. Tone K, Komeyama K, Sakamoto T, Nakamura I, Sakakura Y, Kawabe R, 他6名. Two-way habitat use between reefs and open ocean in the greater amberjack adult: evidence from biologging data. *Mar Ecol Prog Ser*, 699, (2022), 135-151.
11. Takahashi H, 他3名. First report of natural hybridization between two yellowtails, *Seriola quinqueradiata* and *S. lalandi*. *Ichthyol Res*, 68, (2020), 139-144.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 4件/うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Hasegawa Takamasa, Lu Ching-Ping, Hsiao Sheng-Tai, Uchino Tsubasa, Yeh Hsin-Ming, Chiang Wei-Chuan, Chen June-Ru, Sassa Chiyuki, Komeyama Kazuyoshi, Kawabe Ryo, Sakamoto Takashi, Masumi Satoshi, Uchida Jun, Aoshima Takashi, Sakakura Yoshitaka	4. 巻 103
2. 論文標題 Distribution and genetic variability of young-of-the-year greater amberjack (<i>Seriola dumerili</i>) in the East China Sea	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Environmental Biology of Fishes	6. 最初と最後の頁 833 ~ 846
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10641-020-00985-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

1. 著者名 Tone Kazuki, Nakamura Yosuke, Chiang Wei Chuan, Yeh Hsin Ming, Hsiao Sheng Tai, Li Chun Huei, Komeyama Kazuyoshi, Tomisaki Masanori, Hasegawa Takamasa, Sakamoto Takashi, Nakamura Itsumi, Sakakura Yoshitaka, Kawabe Ryo	4. 巻 31
2. 論文標題 Migration and spawning behavior of the greater amberjack<sc><i>Seriola dumerili</i></sc>in eastern Taiwan	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Fisheries Oceanography	6. 最初と最後の頁 1 ~ 18
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/fog.12559	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

1. 著者名 Tone K, Chiang WC, Yeh HM, Hsiao ST, Li CH, Komeyama K, Kudo K, Hasegawa T, Sakamoto T, Nakamura I, Sakakura Y, Kawabe R	4. 巻 699
2. 論文標題 Two-way habitat use between reefs and open ocean in adult greater amberjack: evidence from biologging data	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Marine Ecology Progress Series	6. 最初と最後の頁 135 ~ 151
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3354/meps14169	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

1. 著者名 刀祢和樹, 都澤 拓, 工藤謙輔, 佐々木幾星, Wei-Chuan CHIANG, Hsin-Ming YEH, 中村乙水, 米山和良, 坂本 崇, 阪倉良孝, 菊池 潔, 河邊 玲	4. 巻 89
2. 論文標題 九州南岸と台湾東部におけるカンパチ <i>Seriola dumerili</i> 成魚の遊泳行動の比較	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 日本水産学会誌	6. 最初と最後の頁 22 ~ 33
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2331/suisan.22-00026	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計11件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 工藤謙輔・DongHyuk Kim・刀祢和樹・中村乙水・米山和良・蕙平 裕次・征矢野清・阪倉良孝・河邊玲
2. 発表標題 九州西岸から放流したブリの水平・鉛直移動
3. 学会等名 日本バイオロギング研究会第16回シンポジウム
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 車遥介, 小山喬, 菊池潔, 森島輝, 小林久人, 志波優
2. 発表標題 ブリ属3種の比較ゲノム解析
3. 学会等名 令和2年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 刀祢和樹, 中村暢佑, 米山和良, Wei-Chuan Chiang, Hsin-Ming Yeh, Sheng-Ping Wang, 長谷川隆真, 富崎雅規, 阪倉良孝, 坂本 崇, 中村乙水, 河邊 玲
2. 発表標題 東シナ海および台湾周辺海域におけるカンパチの回遊生態Ⅳ 水平・鉛直分布特性と生息環境
3. 学会等名 令和2年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 富崎雅規, 刀祢和樹, Wei-Chuan Chiang, Hsin-Ming Yeh, Sheng-Tai Hsiao, Sheng-Ping Wang, 中村暢佑, 米山和良, 坂本 崇, 長谷川隆真, 阪倉良孝, 中村乙水, 河邊 玲
2. 発表標題 東シナ海および台湾周辺海域におけるカンパチの回遊生態Ⅴ 産卵期のカンパチ親魚に見られた特異的鉛直遊泳
3. 学会等名 令和2年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 都澤拓, 刀祢和樹, 工藤謙輔, 富崎雅規, Wei-Chuang Chiang, Hsing-Ming Yeh, Sheng-Tai Hsiao, Chun-Huei Li, 米山和良, 坂本崇, 中村乙水, 阪倉良孝, 河邊玲
2. 発表標題 東シナ海中部と南部におけるカンパチの水平および鉛直遊泳行動の比較
3. 学会等名 水産海洋学会研究発表大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 工藤謙輔, 刀祢和樹, DongHyuk Kim, 中村乙水, 米山和良, 蕙平裕次, 征矢野清, 阪倉良孝, 河邊玲
2. 発表標題 九州周辺海域で春季から秋季に滞留したブリ (<i>Seriola quinqueradiata</i>) の鉛直移動パターン
3. 学会等名 水産海洋学会研究発表大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 工藤謙輔, 刀祢和樹, 中村乙水, 蕙平裕次, 前田有香里, 小山 喬, 征矢野清, 菊池 潔, 阪倉良孝, 河邊 玲
2. 発表標題 東シナ海北部から放流したブリ (<i>Seriola quinqueradiata</i>) の水平・鉛直移動様式
3. 学会等名 令和5年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2022年～2023年

1. 発表者名 刀祢和樹, 都澤 拓, 工藤謙輔, 佐々木幾星, Wei-Chuan CHIANG, Hsin-Ming YEH, 中村乙水, 米山和良, 坂本 崇, 菊池 潔, 阪倉良孝, 河邊 玲
2. 発表標題 東シナ海および台湾周辺海域におけるカンパチの回遊生態VII: 九州南岸と台湾東部におけるカンパチ <i>Seriola dumerili</i> 成魚の遊泳行動の比較
3. 学会等名 令和5年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2022年～2023年

1. 発表者名 濱田翔太, 工藤謙輔, 刀祢和樹, 中村乙水, 前田有香里, 菊池 潔, 阪倉良孝, 河邊 玲
2. 発表標題 東シナ海におけるヒラマサの水平・鉛直移動
3. 学会等名 令和5年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2022年～2023年

1. 発表者名 前田有香里, 小山 喬, 工藤謙輔, 阪倉良孝, 樋渡 萌, 眞角 聡, 内田 淳, 青島 隆, 菊池 潔, 河邊 玲
2. 発表標題 対馬海峡で採集されたヒラマサ仔稚魚
3. 学会等名 令和5年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2022年～2023年

1. 発表者名 喜納泰斗, 西場美樹, 田角聡志, 山本淳, 細谷将, 菊池潔
2. 発表標題 ヒレナガカンパチ <i>Seriola rivoliana</i> の性決定遺伝子の同定
3. 学会等名 令和5年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2022年～2023年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 虫明敬一	4. 発行年 2019年
2. 出版社 朝倉書店	5. 総ページ数 212
3. 書名 ブリ類の科学	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	菊池 潔 (Kikuchi Kiyoshi) (20292790)	東京大学・大学院農学生命科学研究科(農学部)・教授 (12601)	
研究分担者	坂本 崇 (Sakamoto Takashi) (40313390)	東京海洋大学・学術研究院・教授 (12614)	
研究分担者	河邊 玲 (Kawabe Ryo) (80380830)	長崎大学・海洋未来イノベーション機構・教授 (17301)	
研究分担者	米山 和良 (Komeyama Kazuyoshi) (30550420)	北海道大学・水産科学研究院・准教授 (10101)	
研究分担者	中村 乙水 (Nakamura Itsumi) (60774601)	長崎大学・海洋未来イノベーション機構・助教 (17301)	

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	虫明 敬一 (Mushiake Keiichi)		

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関