

# 阿蘇海におけるハマグリが生息状況について

久田哲二，今西裕一，藤原正夢

京都府農林水産技術センター海洋センター

2011年3月

# 阿蘇海におけるハマグリ<sup>\*</sup>の生息状況について<sup>\*1</sup>

久田哲二, 今西裕一, 藤原正夢

The present status of habitation about the venerid clam *Meretrix lusoria* in Asokai Lagoon

Tetsuji Hisada, Yuichi Imanishi and Masamu Fujiwara

We surveyed the inhabitation of the venerid clam *Meretrix lusoria* in Asokai Lagoon, a rare habitat of the clam. Eight species of bivalves emerged around the mouth of Nodagawa river, a fishing ground of *Meretrix lusoria*. The weight of *Meretrix lusoria* per 1 m<sup>2</sup> was the greatest among the 8 species, excluding the survey station in the river. The shell length range indicated that several year-class groups and adult and juvenile clams inhabited the same region, suggesting that *Meretrix lusoria* reproduces in Asokai Lagoon. Molecular-genetic analysis revealed that *Meretrix lusoria* inhabiting Asokai Lagoon belonged to a haplotype different from those of *M. petechialis* and *M. meretrix*, but formed a group with *Meretrix lusoria* inhabiting other regions and shared common genetic characteristics with *Meretrix lusoria* inhabiting Kumamoto prefecture. These findings did not clarify the influence of past release of *Meretrix* species.

キーワード: ハマグリ, 阿蘇海, 生息状況, ミトコンドリア COI 遺伝子, 遺伝的特徴

ハマグリ *Meretrix lusoria* の全国の漁獲量は、1970年代は3,000～8,000トンで推移していたが、それ以降は激減し、1980年代から1990年代には数百～1,000トン台となり、2005年には200トン未満となった(山下ら, 2004; 逸見, 2009)。また、水産庁のレッドデータリストでは減少種に分類されており(田中, 1994)、愛知県他5県では絶滅危惧種に指定され、千葉県ではすでに絶滅したと考えられている(逸見, 2009)。このように、ハマグリは漁獲対象種でありながら、その存続が危惧される状態にある。本州日本海側でハマグリが生息している地域は山口県油谷湾、兵庫県円山川河口、京都府阿蘇海および久美浜湾、富山県神通川河口および新潟県柏崎周辺(逸見, 2009; 佐藤, 山口, 2010)の6カ所である。そのうちハマグリ漁業を行っているのは円山川河口、阿蘇海および久美浜湾に限られている。これらは漁獲量が全国的に減少している中で、漁業が継続できている希少な漁場であるといえる。しかし、これらの海域におけるハマグリの生息状況等の基礎的な情報は非常に少ない。一方、ハマグリの漁獲量の減少に伴い、日本各地のハマグリ産地において、シナハマグリ *M. petechialis* や産地不明のハマグリの放流が行われている。シナハマグリは環境省の定める要注外来生物リストに掲載され、日本のハマグリと交雑する懸念が示されている<sup>\*2</sup>。阿蘇海においても1986年から1992年にかけて、シナハマグリ等外国産ハマグリ類を含む可能性がある産地不明のハマグリ類が放流されており(社団法人 日本栽培漁業協会, 1988～1994)、外国産ハマグリの混在や、交雑種の出

現等の遺伝的攪乱が危惧される。今回、筆者らは阿蘇海の中でハマグリの漁場となっている野田川河口域において、その生息状況を調査した。また、ハマグリ類については殻の模様や形態による種の判別が難しく、分類学上の混乱がある(逸見, 2009)。特にハマグリ、シナハマグリおよびタイワンハマグリ *M. meretrix* はよく似ているため、ハマグリ類を対象とした調査においては分子遺伝学的手法を用いた検討が必要とされる。そのため、遺伝子の塩基配列データを用いて種の同定を試み、また、過去の放流の影響について検討したので報告する。

## 材料および方法

**生息状況** ハマグリの産卵期は6月初旬から10月上旬で、その盛期は8月中旬から下旬とされる(田染, 上城, 1978)。そこで、ハマグリの採集調査は、ハマグリが満年齢に達する時期を想定し、2010年8月24日に行った。調査に先立ち、阿蘇海で操業する漁業者6名からハマグリの漁業実態について聞き取った。

調査点は、聞き取り情報を参考にして、野田川河口の漁場周辺の4点とした(Fig.1)。各調査点の特徴は以下のとおりであった。St.1(2010年の舞鶴潮位表基準面からの高さ:20 cm)は河口左岸側に位置し、底質は砂で、泥分や陸上植物由来の腐植質は少なかった。St.2(同:30 cm)は河口中央部下流に位置し、底質は砂で、腐植質が多かった。St.3(同:-60 cm)は野田川河口から約100 m 河川内に入った場所で、底質は泥で、砂は少なく、腐植質が多かった。St.4(同:-50 cm)は河口右岸側下流

<sup>\*1</sup> 本研究の一部は、農林水産省の「新たな農林水産政策を推進する実用技術開発事業委託事業」により実施した。

<sup>\*2</sup> 環境省ホームページ要注外来生物リスト: 無脊椎動物(詳細) [http://www.env.go.jp/nature/intro/outline/caution/detail\\_mu.html#11](http://www.env.go.jp/nature/intro/outline/caution/detail_mu.html#11)

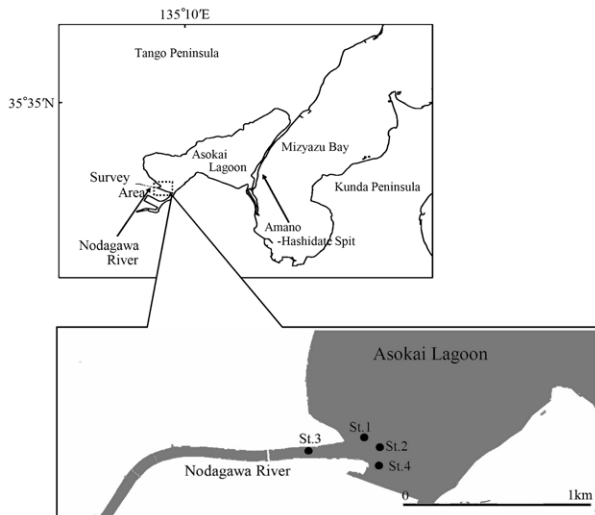


Fig. 1 Location of survey area. Solid circles indicate each survey station.

に位置し、底質は砂で腐植質が多かった。水温および塩分は、河川内の St.3 では 32.2°C および 2.45%，河口部の St.4 では 33°C および 2.65% であった（堀場製作所製 U-10 で計測：0.5m 深）。

ハマグリを含む二枚貝類は、ジョレン（開口部：幅 30 cm × 高さ 20 cm × 奥行き 30 cm，カゴ網目 1 cm，長さ 10 cm のツメ付き，柄の長さ 3.5 m）を用いて、海底を 1 m 曳き，砂泥とともに採集した。その砂泥を目合い 2 mm の篩を用いて細砂や泥を篩過させ，篩の上に残った残渣物を回収した。ただし，St.1 については，腐植質が少なかったため現地で残渣物を観察し，ホトトギスガイを除く二枚貝類を持ち帰った。なお，採集作業は，主漁場である St.1 については 10 回，その他の調査点では 5 回行った。回収した残渣物から，肉眼観察により二枚貝類をより分けて種毎に合計重量を計測し，その個体数を記録した。また，調査点毎の二枚貝類の生息個体数と重量を比較するため，ジョレン曳きの回数による採集面積を基に，1 m<sup>2</sup> あたりの個体数および重量を求めた。

さらに，肉眼では判別困難な殻長 2mm 以下のハマグリの有無を確認するため，最もハマグリを採集した St.2 について，肉眼観察による採集を終えた砂 1200 cm<sup>3</sup> のうち，200 cm<sup>3</sup> を実体顕微鏡で観察した。採集したハマグリは，デジタルノギス（ミツトヨ製 CD20-PSX）あるいは万能投影機（オリンパス製）を用いて殻長を 0.1 mm 単位まで測定した。

**遺伝的特徴** 本調査で採集されたハマグリおよび漁業者が調査前日に野田川河口域で採集したハマグリの中から，殻長 27-29 mm の個体 20 個を選び，ミトコンドリア COI 遺伝子の部分塩基配列を調査した。DNA の抽出は，各個体の閉殻筋から FastPure DNA Kit（タカラバイオ）を用いて行った。手順

は添付のマニュアルに従った。PCR はユニバーサルプライマー COI-F（5'-GGTCAACAAATC-ATAAAGATATTGG-3'）および COI-R（5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3'）（Folmer *et al.*, 1994）を用い，DNA ポリメラーゼに TaKaRa PrimeStarMAX（タカラバイオ）を使用して行った。反応プログラムは，最初の熱変性を 98°C 30 秒間で行った後，98°C 10 秒間の熱変性，52°C 15 秒間のアニーリングおよび 72°C 10 秒間の伸長を組み合わせた反応サイクルを 30 回繰り返した。PCR 産物は 2% アガロースゲルで電気泳動した後，臭化エチジウムで染色し，UV トランスイルミネーター上で約 700 塩基のシングルバンドが増幅されていることを確認した。PCR 産物中に含まれる余剰プライマーを TaKaRa SUPREC-PCR（タカラバイオ）を用いて除去した。手順は添付のマニュアルに従った。

塩基配列の決定は，上記 PCR プライマーをシーケンスプライマーとして両鎖解析するため，株式会社ファスマック（神奈川県厚木市）において，BigDye Terminator v 3.1 Cycle sequencing Kit（Applied Biosystems）を用いてシーケンス反応を行い 3130xl Genetic Analyzer（Applied Biosystems）または 3730xl DNA Analyzer（Applied Biosystems）を用いて解読した。得られた塩基配列データは，国際塩基配列データベース GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) に登録済みのハマグリ類ミトコンドリア COI 遺伝子の塩基配列と比較した。

塩基配列のアライメントおよびハプロタイプ間の塩基置換数の算出を MEGA4（Tamura *et al.*, 2007）で行った。また，ハプロタイプネットワークを TCS1.21（Clement *et al.*, 2000）により作成した。

## 結果

**生息状況** 漁業者への聞き取りの結果，ハマグリは野田川河口付近に限定され，主漁場は St.1 付近であった。St.2 付近および St.4 付近は大型個体が少ないため，漁場として利用する頻度は低かった。一方，St.3 は大型個体が漁獲されないために利用していなかった（Fig.1）。ハマグリが漁獲開始される大きさは殻長 30mm 以上であった。

肉眼観察により採集された二枚貝類について，調査点毎に種別個体数および重量を Table 1 に示した。出現した二枚貝類は，ハマグリに加え，ホトトギスガイ *Musculista senhousia*，ソトオリガイ *Laternula marilina*，シオフキ *Macra veneriformis*，ユウシオガイ *Tellina rutila*，アサリ *Ruditapes philippinarum*，イソシジミ *Nattalia japonica* およびマテガイ *Solen strictus* の 8 種類であった。ハマグリは個体数では 1 ~ 8.5 個 / m<sup>2</sup> と少なかったが，その重量は，河川内の St.3 (0.5g / m<sup>2</sup>) を除いて 21.1 ~ 68.4g / m<sup>2</sup> と二枚貝類で最大であった。一方，St.2,3 および 4 においては，個体数ではホトトギスガイが多く，St.3 においては個体数，重量ともに最大であっ

**Table 1** Weight and individual number per square meter of bivalves caught in this survey

Species	weight(g/m <sup>2</sup> )			
	st.1	st.2	st.3	st.4
<i>Meretrix lusoria</i>	68.4	21.6	0.5	21.1
<i>Musculista senhousia</i>	-	19.9	11.9	3.1
<i>Laternula marilina</i>	4.0	2.5	0.6	1.6
<i>Mactra veneriformis</i>	4.9	0.4	0.1	2.3
<i>Tellina rutila</i>	0.2	0.3	0.3	1.3
<i>Ruditapes philippinarum</i>	1.1	0.01	0.01	0.5
<i>Nattallia japonica</i>	0.3	0.3	0	0.3
<i>Solen strictus</i>	0.0	0.001	0.001	0.3

Species	individuals(number/m <sup>2</sup> )			
	st.1	st.2	st.3	st.4
<i>Meretrix lusoria</i>	8.5	7.9	1.0	5.0
<i>Musculista senhousia</i>	-	407.9	227.4	50.9
<i>Laternula marilina</i>	4.3	9.0	3.8	0.8
<i>Mactra veneriformis</i>	96.1	1.7	0.5	1.4
<i>Tellina rutila</i>	1.0	2.0	3.7	34.1
<i>Ruditapes philippinarum</i>	0.7	0.3	0.3	5.9
<i>Nattallia japonica</i>	1.0	1.3	0	0.7
<i>Solen strictus</i>	0.3	0.1	0.1	7.5

た。St.1 ではシオフキの個体数が 96.1 個 / m<sup>2</sup> と多かった。

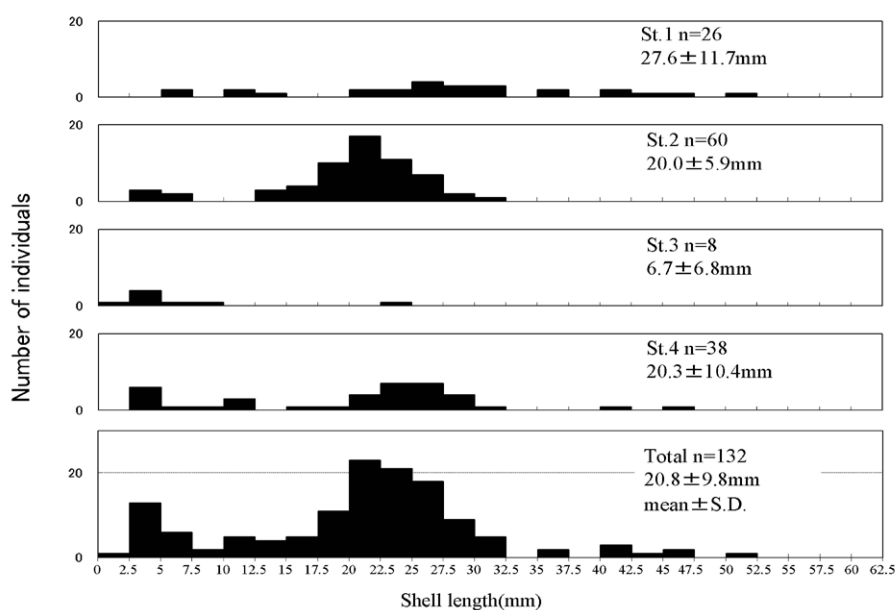
肉眼観察により採集されたハマグリ of 殻長組成を Fig.2 に示した。採集されたハマグリは、殻長 2.5 mm 以上 7.5 mm 未満と、20 mm 以上 27.5 mm 未満の個体が多かった。採集された個体のうち、漁獲開始される大きさである殻長 30mm 以上の個体 (以下漁獲サイズ個体とする。) の占める割合は 10.9% であった。調査点ごとにみると、St.1 で採集されたハマグリ of 殻長は 5.3 ~ 51.0 mm の範囲にあり、平均殻長は 27.6 (± 11.7) mm (± 標準偏差, 以下同様) で調査点の中で最も大きかった。また、

漁獲サイズ個体の占める割合は 38.5% で、各調査点の中で最も高かった。St.2 では殻長 3.5 ~ 31.1 mm の範囲にあり、平均殻長 20.0 (± 5.9) mm で、採集個体は殻長 17.5 mm 以上 25mm 未満の範囲に集中していた。漁獲サイズ個体の占める割合は 1.7% と低かった。河川内の St.3 では殻長 2.4 ~ 22.8 mm の範囲であり、平均殻長は 6.7 (± 6.8) mm で調査点の中で最も小さかった。採集個体も 8 個体で最も少なく、そのうち 7 個体は殻長 10 mm 未満で、漁獲サイズ個体は採集されなかった。St.4 では殻長 2.8 ~ 45.1 mm の範囲にあり、平均殻長 20.3 (± 10.4) mm で、採集個体は 2.5 mm 以上 5mm 未満および 22.5 mm 以上 27.5 mm 未満の範囲に多くみられた。漁獲サイズ個体の占める割合は 7.9% であった。なお、河川内 (St.3) の調査点で採集されたハマグリ of 平均殻長は、阿蘇海内の調査点 (St.1,2 および 4) で採集されたハマグリ of 平均殻長 (21.7 (± 9.3)mm) よりも、有意に小さかった (Mann-Whitney u-test, p<0.001)。

実体顕微鏡観察によってハマグリが 5 個体発見され、その殻長範囲は 1.3 ~ 2.2 mm、平均殻長は 1.8 mm であった。

**遺伝的特徴** 阿蘇海産ハマグリ 20 個体のミトコンドリア COI 遺伝子の部分塩基配列を調べた結果、2 種類のハプロタイプ、mal (GenBank アクセシオン番号 AB613022) および ma2 (同 AB613022) が検出された。前者は 20 個体のうち 11 個体から、後者は残りの 9 個体から検出され、両者間には 1 箇所の塩基置換が認められた。

GenBank にはハマグリ類 of ミトコンドリア COI 遺伝子の全部または部分塩基配列が 28 配列登録されていた。ハマグリおよび近縁なハマグリ類 (シナハマグリおよびタイワンハマグリ) に由来する配列は 21 配列あり、う



**Fig. 2** Composition of shell length classes of *Meretrix lusoria* in each survey station and total number of the clams.

ち、シナハマグリのみトコンドリアゲノム塩基配列 (Ren *et al.*,2009) における 145 番から 718 番塩基までの 574 塩基配列を含む 20 配列を比較の対象とした。16 配列が中国産個体由来で、国産個体由来は 1 配列のみであった (Table 2)。上記の 20 配列に阿蘇海産個体由来の配列を加えてアライメントを行った結果、10 種類のハプロタイプ、すなわち ma1,lu1-lu2,lp,me1-me5 および mp が検出され、lu2 と ma2 は一致した。また、ma1 および me4,me5 を除く 7 種類のハプロタイプは Chen *et al.* (2009) で検出されており、lp がハマグリとシナハマグリで、mp が台湾ハマグリとシナハマグリで共有された (Table 2)。各ハプロタイプのアミノ酸配列は、lp にのみ 1 箇所置換が認められた (データ非表示)。

ハプロタイプネットワークは、大きく 3 グループで構成された。lp,me1,me3,me4,me5 および mp の 6 ハプロタイプから成るグループ 1,lu1 および me2 から成るグループ

2 並びに ma1 および lu2(ma2) から成るグループ 3 に分枝する不連続な形状を示した (Fig.3)。すなわち、グループ 3 は、中国江蘇産、大分県杵築産および阿蘇海産のハマグリ (*M.lusoria*) のみで構成され、シナハマグリまたは台湾ハマグリに由来するハプロタイプは発見されなかった。

各グループ内ハプロタイプ間の塩基置換数は、最大のグループ 1 で 6 箇所 (1.1%) 以下であった。またグループ間の塩基置換数は、グループ 1・2 間で 34 箇所 (5.9%) 以上、1・3 間で 37 箇所 (6.4%) 以上および 2・3 間で 44 箇所 (7.7%) 以上存在した (Table 3)。

## 考 察

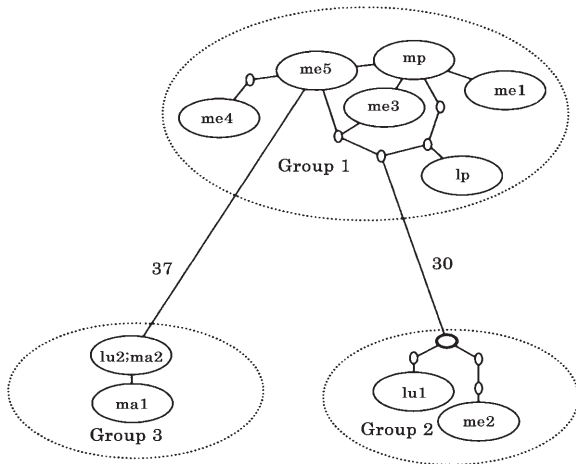
今回採集されたハマグリ of 殻長範囲は 1.3 ~ 51 mm であった。熊本県白川干潟 (逸見, 2009) および福岡県加布里干潟 (中本ら, 2009) で調べられたハマグリ of 年令と

**Table 2** Mitochondrial COI gene sequences for *Meretrix* species

Species	Locality	Haplotype	GenBank accession No.	Reference
<i>Meretrix lusoria</i>	Asokai Lagoon,Japan	ma1	AB613022	present study
<i>M. lusoria</i>	Asokai Lagoon,Japan	ma2	AB613023	present study
<i>M. lusoria</i>	Jiangsu,China	lu1	FJ434679	Chen <i>et al.</i> ,2009
<i>M. lusoria</i>	Jiangsu,China	lu2	FJ434680	Chen <i>et al.</i> ,2009
<i>M. lusoria</i>	Jiangsu,China	lp	FJ434681	Chen <i>et al.</i> ,2009
<i>M. lusoria</i>	Kitsuki,Japan	lu2	AB280786	Nakamura,2010* <sup>3</sup>
<i>M. lusoria</i>	China	lu1	EU118003	
<i>M. lusoria</i>	unknown	lp	AY874532	
<i>M. meretrix</i>	Jiangsu,China	me1	FJ434675	Chen <i>et al.</i> ,2009
<i>M. meretrix</i>	Jiangsu,China	mp	FJ434676	Chen <i>et al.</i> ,2009
<i>M. meretrix</i>	Jiangsu,China	me2	FJ434677	Chen <i>et al.</i> ,2009
<i>M. meretrix</i>	Jiangsu,China	me3	FJ434678	Chen <i>et al.</i> ,2009
<i>M. meretrix</i>	China	me3	DQ399398	
<i>M. meretrix</i>	China	me2	DQ399399	
<i>M. meretrix</i>	China	me4	DQ399400	
<i>M. meretrix</i>	China	me3	DQ399401	
<i>M. meretrix</i>	China	mp	DQ399402	
<i>M. meretrix</i>	Panjin,China	me1	NC_013188	He <i>et al.</i> ,2010
<i>M. meretrix</i>	unknown	me5	GQ463598	
<i>M. petechialis</i>	China	mp	NC_012767	Ren <i>et al.</i> ,2009
<i>M. petechialis</i>	China	mp	AB280785	Nakamura,2010* <sup>3</sup>
<i>M. petechialis</i>	unknown	lp	AY874530	

**Table 3** Nucleotide substitutions between 10 haplotypes of *Meretrix* species

Haplotype	Group 1						Group 2		Group 3	
	lp	me1	me3	me4	me5	mp	lu1	me2	ma1	lu2; ma2
lp										
me1	4									
me3	4	2								
me4	6	4	4							
me5	4	2	2	2						
mp	3	1	1	3	1					
lu1	34	36	34	36	34	35				
me2	35	37	35	37	35	36	5			
ma1	42	40	39	40	38	39	44	45		
lu2; ma2	41	39	38	39	37	38	45	46	1	



**Fig. 3** Haplotype network of three *Meretrix* species, *M. lusoria*, *M. meretrix* and *M. petechialis* based on the mtDNA COI partial sequence. Numbers attached to each line correspond to nucleotide substitutions between two nodes.

成長 (Table 4) では、殻長 19 mm 未満の範囲に属する個体は 0 ~ 1 才, 20 mm 以上 ~ 31.8 mm 未満の範囲に属する個体は 1 ~ 2 才, 34.6 mm 以上 45 mm 未満の個体は 3 ~ 4 才, 50.7 mm 以上の個体は 4 才以上に相当する。したがって、野田川河口域には異なる年級群が生息していることになる。

ハマグリは最小成熟サイズは 17-20 mm (Nakamura *et al.*, 2010) であり、採集されたハマグリのうち、このサイズ以上の個体は親貝として産卵可能と考えられた。また、ハマグリは産卵から着底までの期間は 10 ~ 21 日、着底後の平均殻長は 50 日で 1.3 mm, 60 日で 2.05 mm とされている (田染, 上城, 1978)。阿蘇海は、隣接する宮津湾とは狭い水路でつながっているのみで、野田川河口は阿蘇海の最奥部に位置している (Fig.1)。また、近年宮津湾ではハマグリは産卵は全くなく、ハマグリは生息していないと考えられる。このため、他の海域で発生した浮遊幼生が野田川河口に着底する可能性はほとんどない。すなわち、本調査で得られた殻長 1.3 ~ 2mm 前後の稚貝は、阿蘇海内で産卵され、50 ~ 60 日程度経過した個

体であり、野田川河口域に着底後、成長していることになる。複数の年級群、産卵親貝および稚貝の存在から、ハマグリは阿蘇海内で再生産を行っていると考えられた。

本調査で採集されたハマグリは平均殻長は、河川内の調査点 (St.3) では、阿蘇海内の調査点 (St.1,2 および 4) に比べて明らかに小さかった。また、阿蘇海内の調査点においても、St.1 では漁獲サイズの個体の占める割合が高く、殻長組成は場所による違いがみられた (Fig.2)。ハマグリは河川内に着底後、成長に伴い海域へ移動し、海域でも、粘液を出し、潮流に乗って移動するなど、生活史の中で生息域を変えることが知られている (逸見, 2009)。野田川河口域においても、ハマグリは成長に伴い移動している可能性がある。ただし、今後の調査においては、移動以外の可能性も含めて検討し、確認する必要がある。

分子遺伝学的な調査の結果、阿蘇海産ハマグリは、中国江蘇産および大分県杵築産のハマグリとともに同じハプロタイプグループを構成した。中村 (2010) \*3 は熊本県白川干潟産のハマグリ 135 個体のミトコンドリア COI 塩基配列を調べ、127 個体が同一配列 (lu2) で、残り 8 個体は 2 塩基の塩基置換があったとしている。白川干潟産と阿蘇海産ハマグリは、同じハプロタイプを持ち、かつ類似した少数のハプロタイプで構成されるという特徴を示した。このように、阿蘇海産ハマグリは、他地域産ハマグリと共通する遺伝的特徴を持っていたことから、阿蘇海集団における過去の放流の影響を明らかにすることはできなかった。

今回示された各ハプロタイプグループについて、カキ類の系統関係をミトコンドリア COI 遺伝子の塩基配列の塩基置換率を元に調べた例 (荒西ら, 2006) を参考にすると、地方集団レベル以上で独立種未満に分化していると考えられた。中国江蘇産ハマグリ類からは、グループ 1 (me1, me3 および mp)、グループ 2 (lu1 および me2) およびグループ 3 (lu2) のハプロタイプが検出された点や、中国産ハマグリ類では異種間でハプロタイプが共有された点は、分類の混乱を改めて示したといえる。今後、ハマグリ類の分類については、地理的分布実態も含めて根本的な整理が望まれる。

**Table 4** Relationship between age and shell length of *Meretrix lusoria* in Japan

Locality	Age					Reference
	1	2	3	4	5	
Shirakawa river mouth, Kumamoto Pref.	10	30	45	55		Henmi, 2009
Kafuri sound, Fukuoka Pref.	13.9-19.0	27.4-31.8	34.6-40.9	43.3-50.7	53.3-56.6	Nakamoto et al, 2009

\*3 中村泰男. 2010. 第 3 章. ハマハマ通信 (ハマグリ研究情報). 独立行政法人国立環境研究所. <http://www.nies.go.jp/aquatera/member/nakamura/hamahama/p02.html>

## 謝 辞

今回の調査を行うにあたって、京都府漁業協同組合宮津支所溝尻地区の漁業者の方々には、ハマグリ採集や漁業実態の情報収集の際に、多大な協力を賜った。厚くお礼申し上げます。

## 文 献

- 荒西太士, 沖本宜音, 飯塚祐輔, 工藤康介, 平野琢也, 大久保誠. 2006. 分子進化解析による *Crassostrea* 属の異所的種分化. 宮崎大学農学部研究報告, **52**: 21-27.
- Chen AH., Li ZX., Feng GN. 2009. Phylogenetic Relationships of the Genus *Meretrix* (Mollusca: Veneridae) Based on Mitochondrial COI Gene Sequences. *Zoological Research*, **30**: 233 - 239.
- Clement M., Posada D., Crandall K. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, **9**: 1657-1660.
- Folmer O., Black M., Hoeh W., Lutz R., Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol. Mar. Biol. Biotech.*, **3**: 294-299.
- He CB, Wang J, Gao XG, Song WT, Li HJ, Li YF, Liu WD, Su H. 2010. The complete mitochondrial genome of the hard clam *Meretrix meretrix*. *Mol Biol Rep.*
- 逸見泰久. 2009. 第4章 ハマグリ生物学, 第5章 日本各地におけるハマグリ現状. 「肥後ハマグリ資源管理とブランド化」. 81-152. 成文堂, 東京.
- 中本崇, 古藤澄男, 佐藤博之, 深川敦平, 秋本恒基, 濱田弘之. 2009. ハマグリ漁業管理手法に関する研究. 福岡水海技セ研報 **19**: 29-33.
- Nakamura Y., Nakano T., Yurimoto T., Maeno Y., Koizumi A., Tamaki A. 2010. Reproductive cycle of the venerid clam *Meretrix lusoria* in Ariake Sound and Tokyo Bay, Japan: *Fish. Sci.*, **76**: 931-941.
- Ren J., Shen X., Sun M., Jiang F., Yu Y., Chi Z., Liu B. 2009. The complete mitochondrial genome of the clam *Meretrix petechialis* (Mollusca: Bivalvia: Veneridae). *Mitochondrial DNA*, **20**: 78-87.
- 佐藤俊男, 山口正士. 2010. 新潟県柏崎で発見されたハマグリについて - 柏崎産ハマグリは、どこからやってきたのか - . 柏崎市立博物館館報 **24**: 111-136. 新潟県.
- 社団法人 日本栽培漁業協会, 1988 ~ 1994, 栽培漁業種苗生産, 入手・放流実績 (全国)
- Tamura K., Dudley J., Nei M., Kumar S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol. Biol. Evol.*, **24**: 1596-1599.
- 田中邦三. 1994. ハマグリ. 「日本の希少な野生水生生物に関する基礎資料 (I) (軟体動物)」水産庁・日本水産資源保護協会. 69-78.
- 田染博章, 上城義信. 1978. ハマグリ生物学的知見並びに増養殖技術に関する既往資料. 貝類の生物学並びに増養殖技術に関する既往資料. 南西海区ブロック会議貝類技術部会. 55-87.
- 山下博由, 佐藤慎一, 金敬源, 逸見泰久, 長田英己, 山本茂雄, 池口明子, 水間八重, 名和 純, 高島 麗. 2004. 沈黙の干潟 - ハマグリを通して見るアジアの海と食の未来. 高木基金助成報告集 - 日韓共同干潟調査団ハマグリプロジェクトチーム. 市民の科学をめざして-. Vol.1. 85-91.