



岐阜大学機関リポジトリ

Gifu University Institutional Repository

岐阜県におけるカラドジョウの初記録と中国系ドジョウの侵入

| | |
|-------|---|
| メタデータ | 言語: jpn 出版者: 公開日: 2017-07-14 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 向井, 貴彦, 梅村, 啓太郎, 高木, 雅紀 メールアドレス: 所属: |
| URL | http://hdl.handle.net/20.500.12099/56040 |

岐阜県におけるカラドジョウの初記録と中国系ドジョウの侵入

向井 貴彦^{1*} 梅村 啓太郎²・高木 雅紀²

¹〒501-1193 岐阜市柳戸 1-1 岐阜大学地域科学部
²〒500-8889 岐阜市大縄場 3-1 岐阜県立岐阜高等学校

First Record of *Paramisgurnus dabryanus* Accompanied with the Invasion of Chinese Lineage of *Misgurnus anguillicaudatus* in Gifu Prefecture, Japan

Takahiko Mukai^{1*}, Keitaro Umemura², Masaki Takagi²

¹Faculty of Regional Studies, Gifu University, 1-1 Yanagido, Gifu, 501-1193, Japan

²Gifu Prefectural Gifu High School, 3-1 Onawaba, Gifu, 500-8889, Japan

Abstract. Alien species of loach, *Paramisgurnus dabryanus*, and another non-indigenous Chinese lineage of *Misgurnus anguillicaudatus* were caught in Gifu Prefecture, Japan. The mitochondrial DNA haplotypes of that alien species and this Chinese lineage were consistent with those of the populations of loaches in the Kanto district, Japan. This result suggests that the Chinese loaches settled in the Kanto district at first, and then, they were transplanted to other areas, for example, Gifu or neighboring prefectures.

(要約)

外来種のカラドジョウが岐阜県の岐阜市および羽鳥市の水路において採集された。これまで岐阜県におけるカラドジョウの報告はなく、本報告が初記録となる。また、カラドジョウと同時に採集されたドジョウのミトコンドリア DNA を解析した結果、岐阜市のカラドジョウ侵入地点には中国系ドジョウも侵入していることが明らかになった。両種のミトコンドリア DNA ハプロタイプは関東地方に定着した集団と一致し、日本国内での二次的拡散によって分布を拡大していると考えられた。

カラドジョウ *Paramisgurnus dabryanus* はドジョウ科に属する純淡水魚であり、中国大陸から、台湾島、朝鮮半島にかけて分布する。近年、野生化したものが日本各地で確認されており、外来生物法における要注意外来生物として在来種との競合や交雑などが懸念されている（加納ほか、2007; 松沢・瀬能、2008; 自然環境研究センター、2008）。また、愛知県では自然環境の保全及び緑化の推進に関する条例によって野外への放逐が禁止されている（愛知県、2011）。これまで

にカラドジョウが確認された都道府県は東日本に多く（農林水産省、2008）、中部地方周辺では滋賀県（金尾・上野、2005）や福井県（川崎・岡、2009）、三重県（農林水産省、2007）で比較的近年になってから侵入している。愛知県における侵入年代は不明だが前述のように移入種として条例で指定されており、農林水産省の「田んぼの生きもの調査」においても確認されている（農林水産省、2008）。しかし、これまで岐阜県におけるカラドジョウの侵入についての具体的な情報は無く、滋賀県でのカラドジョウ発見を

*連絡先 (Corresponding author): tmukai@gifu-u.ac.jp

報じる 2006 年 3 月 30 日の京都新聞の記事において「京都府や岐阜県ではすでに確認されている」と書かれているのみで、実際の侵入の有無は不明であった。今回、岐阜県の岐阜市と羽島市の農業水路において、カラドジョウと同定される標本が採集されたことで、岐阜県におけるカラドジョウの侵入が明らかとなったので、標本を伴う初記録としてここで報告する。

また、日本に侵入しているカラドジョウには 2 系統が存在することが知られている（清水・高木, 2010b）。さらに、在来種であるドジョウについても、中国からの移殖の可能性のある系統が全国に広がっていることが明らかにされている（小出水ほか, 2009；清水・高木, 2010a）。そこで、本研究では、岐阜県で採集されたカラドジョウと、同所的に生息していたドジョウのミトコンドリア DNA の部分塩基配列を決定し、それぞれの遺伝的特徴を調査することで、その侵入経路なども検討した。

材料と方法

岐阜県岐阜市細畑と同市岩地の長良川水系新荒田川に注ぐ農業水路で 2011 年 7 月 15 日と 7 月 21 日に、カラドジョウを含むと考えられるドジョウ類 10 個体を採集した。岐阜県羽島市正木町曲利の水路においても 2011 年 8 月 26 日と 9 月 11 日にカラドジョウを含むと考えられるドジョウ類 10 個体を採集した。これらの標本は、右側の腹鰭を DNA 解析用に 99.5% エタノールで保存し、本体は麻酔後に展鰭して 10%ホルマリンで固定した。固定後に、清水・高木 (2010b) に従って体各部の計測をおこなった後、70%エタノールで保存した。これらの標本は岐阜県博物館に登録、保管した（登録番号 GPM-Z 16416—16435）(Table 1)。また、DNA 解析には、比較用の岐阜県産ドジョウとして岐阜県土岐市鶴里町で 2009 年に採集した 8 個体も用いた。

DNA の抽出は、エタノールで保存した鱗の

一部からキアゲン社の DNeasy Blood & Tissue Kit を用いておこない、L14736-Glu (5´-AAC CAC CGT TGT TAT TCA ACT A-3´) (Mabuchi *et al.*, 2006) とコイ科魚類用に早川明里氏（岐阜大学地域科学部）が設計した H15913-Thr-AH (5´-CCG ATC TTC GGA TTA CAA GAC CG-3´) を用いてミトコンドリア DNA の Cytochrome *b* 遺伝子の PCR 増幅と塩基配列の決定をおこなった。PCR にはニューイングランドバイオラボ社の Crimson Taq PCR sampler のバッファーターとタカラバイオ株式会社の Ex Taq DNA ポリメラーゼを使用した。PCR 産物は GE ヘルスケアジャパン社の ExoSAP-IT キットを用いて処理した後、アプライドバイオシステムズ社の BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit ver. 3.1 でシーケンス反応をおこない、Beckman Coulter (Agencourt) 社の磁気ビーズ Clean SEQ で精製、ABI 3100 Genetic Analyzer で塩基配列を決定した。

決定した塩基配列は、小出水ほか (2009) が全国 40 道府県 123 地点の 444 個体から決定した Cytochrome *b* 遺伝子のハプロタイプ全 147 種類 (DDBJ 登録番号 AB473261-AB473407) および栃木県産カラドジョウ (DDBJ 登録番号 AB473408) の塩基配列と比較した。比較のための多重整列には Clustal X (Thompson *et al.*, 1997) を用い、PAUP*4.0b10 (Swofford, 2002) で樹状図を作成した。遺伝距離の推定は木村の 2 変数モデル (Kimura, 1980) を用いておこなった。

結果と考察

採集したドジョウ類の体各部の測定結果は Table 2 に示した。岐阜市細畑と岩地の水路は同じ川に注ぐ近隣の水路であるため、両地点のサンプルは岐阜市産としてまとめて扱った。尾柄の高さとヒゲの長さからカラドジョウ (Fig. 1) と同定される個体は岐阜市産 5 個体、羽島市産 4 個体であり、測定結果は清水・高木

Table 1. Specimens of *Paramisgurnus dabryanus* and *Misgurnus anguillicaudatus* examined in the present study.

| Species | Collection date | Locality | Voucher specimen | haplotype | haplogroup |
|---------------------------|-----------------|-----------------------------|------------------|-------------|------------|
| <i>P.dabryanus</i> | 2011/7/15 | Hosobata, Gifu | GPM-Z 16416 | P001 | P |
| <i>P.dabryanus</i> | 2011/7/15 | Hosobata, Gifu | GPM-Z 16417 | P001 | P |
| <i>P.dabryanus</i> | 2011/7/21 | Hosobata, Gifu | GPM-Z 16418 | P001 | P |
| <i>P.dabryanus</i> | 2011/7/21 | Hosobata, Gifu | GPM-Z 16419 | P001 | P |
| <i>P.dabryanus</i> | 2011/7/21 | Iwachi, Gifu | GPM-Z 16420 | P001 | P |
| <i>P.dabryanus</i> | 2011/8/26 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16421 | g1 | P |
| <i>P.dabryanus</i> | 2011/8/26 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16422 | P001 | P |
| <i>P.dabryanus</i> | 2011/9/11 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16423 | not analyze | - |
| <i>P.dabryanus</i> | 2011/9/11 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16424 | not analyze | - |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/7/15 | Hosobata, Gifu | GPM-Z 16425 | H019 | B |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/7/15 | Hosobata, Gifu | GPM-Z 16426 | H019 | B |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/7/21 | Hosobata, Gifu | GPM-Z 16427 | H019 | B |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/7/21 | Hosobata, Gifu | GPM-Z 16428 | g6 | C5 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/7/21 | Iwachi, Gifu | GPM-Z 16429 | H079 | C4 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/8/26 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16430 | g3 | C4 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/8/26 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16431 | g2 | C4 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/8/26 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16432 | H025 | C4 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/8/26 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16433 | H025 | C4 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/8/26 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16434 | g7 | C2 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2011/8/26 | Magari, Masaki-cho, Hashima | GPM-Z 16435 | H025 | C4 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2009 | Tsurusato, Toki | no voucher | g4 | C5 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2009 | Tsurusato, Toki | no voucher | g4 | C5 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2009 | Tsurusato, Toki | no voucher | g4 | C5 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2009 | Tsurusato, Toki | no voucher | g4 | C5 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2009 | Tsurusato, Toki | no voucher | g4 | C5 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2009 | Tsurusato, Toki | no voucher | g4 | C5 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2009 | Tsurusato, Toki | no voucher | g4 | C5 |
| <i>M.anguillicaudatus</i> | 2009 | Tsurusato, Toki | no voucher | g5 | C5 |

GPM-Z, Gifu Prefectural Museum - Zoological specimens.

Haplogroups are followed after Koizumi et al. (2009).

(2010b) のカラドジョウの測定結果とよく一致した。ドジョウと同定される個体（岐阜市産5個体、羽島市産6個体）も、清水・高木（2010b）のドジョウの測定結果とよく一致した。一般的にカラドジョウの特徴とされる尾柄の高さについては両集団の間で顕著な差があり、岐阜市産・羽島市産ともカラドジョウと同定される個

体は尾柄高（CPD）の尾柄長に対する割合（% of CPL）が高く、ドジョウと同定される個体が平均 57%前後であるのに対してカラドジョウと同定される個体は平均 70%以上に達していた。ヒゲの長さの違いも明瞭であり、ヒゲの長さ（B1L）の吻長に対する割合（% of SnL）は、岐阜市と羽島市のドジョウと同定される個体

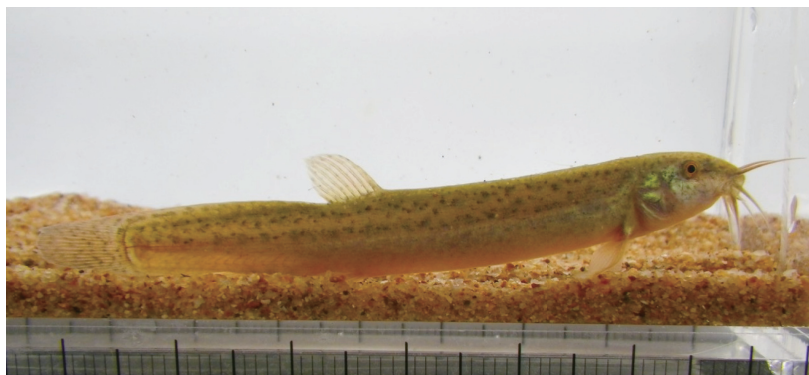


Fig.1 *Paramisgurnus dabryanus* collected from Shin-arata river, Hosobata, Gifu, Japan, GPM-Z 16416, 57.7mm SL

がそれぞれ平均 65.21% と 82.80% なのに対し、両市のカラドジョウと同定される個体はそれぞれ平均 135.90% と 122.50% であり、顕著な差があった。ただし、各形質については両集団で範囲に若干重複があった。その他の形質に関する計測値は、両集団で明瞭な差は見られなかった。また、清水・高木 (2010b) に比べて、本研究で用いた標本の尾柄長 (CPL) は長い傾向にあったが、両研究では標本の固定方法が異なるため (清水・高木は 99.9% エタノール保存、本研究は 10% ホルマリン固定)、差が生じた可能性がある。ドジョウと同定される個体については、眼径 (OD) の頭長に対する比率などが清水・高木 (2010b) より大きい。これは、本研究で用いたドジョウと同定される個体の標準体長が 5cm 前後と小型の若魚であるため相対的な眼径の比率が大きいものと考えられる。

ミトコンドリア DNA の塩基配列については、小出水ほか (2009) の Cytochrome *b* 遺伝子のハプロタイプと相同な 1086 塩基対を決定して比較した。塩基配列の決定できた岐阜市・羽島市・土岐市のドジョウ類 26 個体 (羽島市のカラドジョウ 2 個体は未決定) から 11 種類のハプロタイプが見出され、そのうちの 7 種類は本研究で初めて見つかったものであった。新たに見つかったハプロタイプは g1—g7 とし、DDBJ に塩基配列を登録した (登録番号 AB674742—AB674748) (Table2)。これらのハプロタイプ

と小出水ほか (2009) のハプロタイプの関係については、全てのデータを合わせた樹状図を近隣結合法 (Saitou and Nei, 1987) で作成して全体を検討した後、小出水ほか (2009) が岐阜県産の標本から見出した 9 種類のハプロタイプ (H025, H041, H077—H083) と、本研究で見出したハプロタイプに近縁なハプロタイプを抜き出して作図した (Fig. 2)。その結果、本研究で形態的にカラドジョウと同定した個体はすべて栃木県産のカラドジョウと同一、もしくは 1 塩基違いのハプロタイプ (g1) であった。ドジョウと同定した個体についても、すべて小出水ほか (2009) のドジョウの系統に含まれており、形態的な同定とミトコンドリア DNA の系統が一致した。清水・高木 (2010b) が四国で発見した別系統のカラドジョウは、栃木県のカラドジョウとは大きく異なる系統であることが明らかであり、本研究ではそれに該当する系統は見つからなかった。

小出水ほか (2009) で用いられた岐阜県産のドジョウは郡上市産 (5 個体)、本巣市産 (6 個体)、中津川市産 (5 個体)、瑞浪市産 (1 個体)、川辺町産 (2 個体) の合計 5 地点 19 個体であり、それらは全て日本在来と考えられるクレード C と呼ばれる系統に含まれていた。クレード C は小出水ほか (2009) において、さらに複数のサブクレードに分けられており、岐阜県産は C4, C5, C6 の 3 つのサブクレードのいずれかに含

Table 2. Morphological characteristics of *Paramisgurnus dabryanus* and *Misgurnus anguillicaudatus* examined in the present study (average \pm S.D., ranges are in parenthesis).

| | <i>P.dabryanus</i> | | <i>M.anguillicaudatus</i> | |
|---------------------------------|---------------------------------------|--------------------------------------|------------------------------------|-------------------------------------|
| | Gifu n=5 | Hashima n=4 | Gifu n=5 | Hashima n=6 |
| Standard length(SL:mm) | 66.7 \pm 24.9 (49.2-110.4) | 56.5 \pm 8.5 (54.5-65.3) | 43.3 \pm 7.6 (31.3-51.0) | 55.5 \pm 5.7 (63.0-78.0) |
| % of SL Head length(HL) | 19.52 \pm 1.11 (17.71-20.42) | 20.00 \pm 1.17 (18.53-21.49) | 20.44 \pm 1.15 (18.80-21.91) | 18.47 \pm 1.08 (16.92-19.94) |
| Maximum body depth(MBD) | 14.73 \pm 1.44 (13.35-16.94) | 15.30 \pm 0.78 (14.44-16.08) | 12.64 \pm 1.63 (11.57-15.50) | 13.42 \pm 1.37 (10.77-14.49) |
| Caudal peduncle length(CPL) | 17.45 \pm 1.59 (16.20-20.13) | 17.20 \pm 1.61 (14.86-18.53) | 18.35 \pm 1.21 (16.87-20.00) | 18.74 \pm 2.25 (15.15-21.26) |
| Caudal peduncle depth(CPD) | 12.33 \pm 1.57 (10.92-14.91) | 13.10 \pm 1.27 (11.40-14.39) | 10.38 \pm 0.80 (9.13-11.21) | 10.74 \pm 0.58 (10.00-11.53) |
| Pre-dorsal length(PDL) | 57.19 \pm 0.52 (56.54-57.68) | 57.40 \pm 1.00 (56.27-58.55) | 58.64 \pm 1.32 (57.10-59.93) | 57.88 \pm 1.57 (55.51-60.11) |
| Pre-pectoral length(PPL) | 19.15 \pm 1.02 (17.63-20.50) | 19.20 \pm 1.94 (16.99-21.71) | 19.86 \pm 0.84 (18.93-20.80) | 19.48 \pm 0.73 (18.46-20.23) |
| Pre-ventral length(PVL) | 60.76 \pm 1.77 (58.87-63.03) | 62.10 \pm 2.02 (59.55-63.82) | 61.75 \pm 0.71 (60.86-62.50) | 61.99 \pm 1.90 (58.33-63.27) |
| Pre-anal length(PAL) | 74.32 \pm 1.51 (72.30-75.98) | 76.00 \pm 2.02 (73.81-78.45) | 75.40 \pm 1.87 (73.09-77.21) | 75.90 \pm 2.16 (73.01-78.41) |
| Dorsal fin base length(DFBL) | 9.16 \pm 0.75 (8.08-10.11) | 9.10 \pm 0.69 (8.12-9.77) | 8.93 \pm 1.57 (7.49-10.66) | 8.13 \pm 0.59 (7.63-8.89) |
| % of HL Snout length(SnL) | 36.49 \pm 3.52 (31.81-40.33) | 43.10 \pm 3.05 (39.23-46.58) | 37.30 \pm 2.52 (34.61-39.71) | 38.48 \pm 2.35 (35.71-41.91) |
| Orbit diameter(OD) | 12.80 \pm 1.89 (10.85-15.83) | 12.88 \pm 2.28 (11.18-16.04) | 15.06 \pm 2.95 (12.54-20.07) | 14.09 \pm 1.95 (10.74-15.91) |
| % of SnL 1st barbel length(B1L) | 135.90 \pm 15.87 (118.79-161.28) | 122.50 \pm 21.81 (92.16-143.13) | 65.21 \pm 12.24 (52.27-79.73) | 82.80 \pm 11.46 (70.18-102.27) |
| % of CPL CPD | 70.90 \pm 9.04 (61.21-85.60) | 76.90 \pm 9.41 (65.82-87.88) | 56.69 \pm 4.48 (49.76-60.70) | 57.87 \pm 6.69 (52.11-69.57) |
| SL / MBD | 6.84 \pm 0.64 (5.90-7.49) | 6.50 \pm 0.21 (6.22-6.71) | 8.00 \pm 0.90 (6.45-8.64) | 7.53 \pm 0.89 (6.90-9.29) |
| SL / CPD | 8.20 \pm 0.95 (6.71-9.16) | 8.10 \pm 0.61 (7.34-8.77) | 9.68 \pm 0.79 (8.92-10.95) | 9.34 \pm 0.50 (8.68-10.00) |
| CPL / CPD | 1.43 \pm 0.17 (1.17-1.63) | 1.40 \pm 0.07 (1.36-1.52) | 1.77 \pm 0.15 (1.65-2.01) | 1.75 \pm 0.19 (1.44-1.92) |

まれていた。本研究で解析した岐阜市・羽島市・土岐市の個体も、その多くがC4もしくはC5に含まれていた。しかし、羽島市産の1個体は小出水ほか(2009)において九州固有とされるサブクレードC2に含まれていた。また、岐

阜市産の3個体は中国系統と考えられるクレードBのハプロタイプ(H019)であった。このことから、本研究で調査した岐阜市と羽島市はカラドジョウが侵入しているのみならず、中国系ドジョウや九州産ドジョウによる遺伝的攪乱

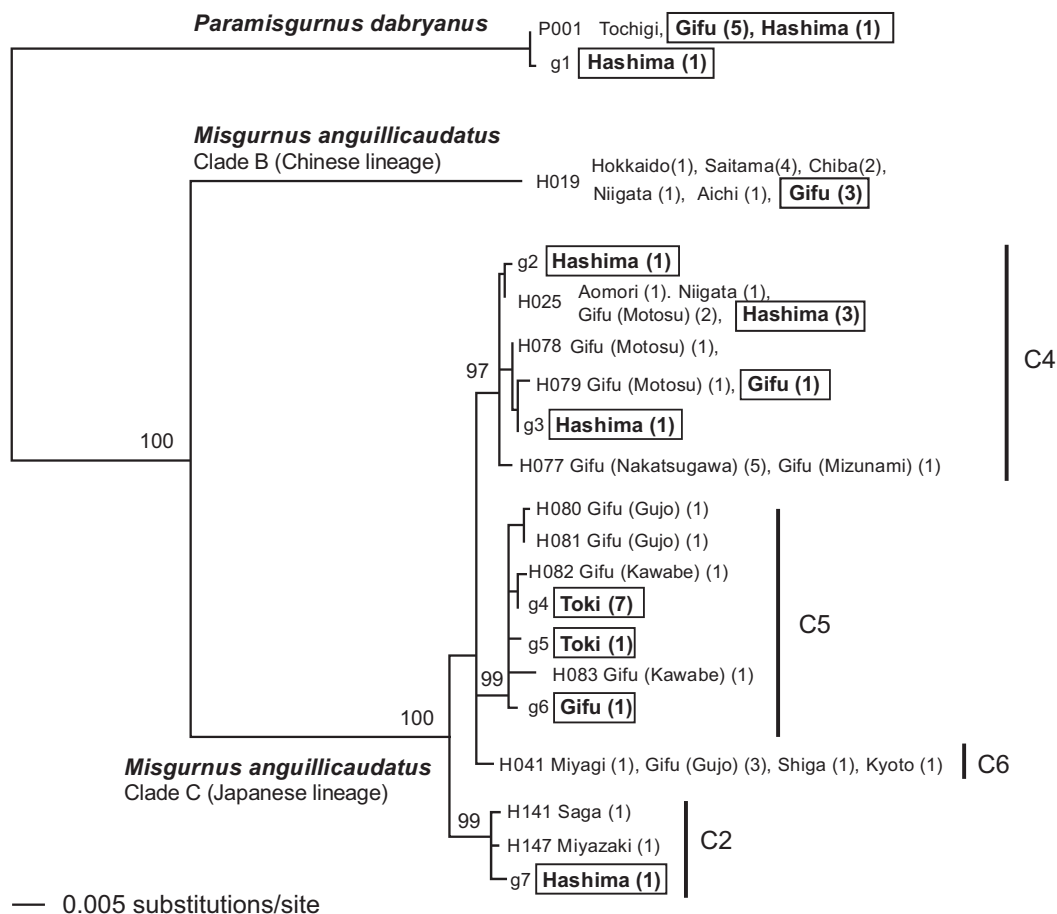


Fig.2 Neighbour-joining tree based on genetic distances estimated from mitochondrial cytochrome *b* (*cytb*) gene sequences (1,086 bp) in two loaches, *Paramisgurnus dabryanus* and *Misgurnus anguillicaudatus*, collected from Gifu Prefecture, Japan. Distances are based on Kimura's two-parameter model and calculated using PAUP*4.0b10 (Swofford, 2002). Numbers adjacent to internal branches indicate bootstrap probabilities (>90%) based on 1,000 pseudoreplicates. Haplotypes g1-g7 are newly found in this study. Nucleotide sequences of haplotypes P001, H025, H041, H077-H083, H141 and H147, and locality of them are cited from Koizumi et al. (2009). C2, C4, C5 and C6 are subclades determined by Koizumi et al. (2009). Numbers of individuals are in parenthesis. Specimens which collected in this study are shown by open boxes.

も生じている可能性が示された。Morishima *et al.* (2008)においても、岐阜市と羽島市（具体的な産地は不明）のドジョウに在来系統と中国系統に相当するミトコンドリアDNAが分布することが示されている（ただし、Morishima *et al.* (2008)の主眼は系統地理や外来種の侵入ではないために詳細が示されていない）。したがって、岐阜県内におけるカラドジョウやドジョウの外来系統の侵入は岐阜市や羽島市の

ような岐阜県南部の市街化が進んだエリアにおいて進行しているが、小出水ほか（2009）や本研究で調査した中山間地域（郡上市、本巣市、中津川市、瑞浪市、土岐市、川辺町）には在来個体群が保たれている可能性もある。

岐阜県へのカラドジョウと中国系ドジョウの侵入経路については、国内に侵入定着した個体群からの二次的拡散の可能性が考えられる。その理由として、岐阜市に侵入したカラドジョウ

のハプロタイプと中国系ドジョウのハプロタイプ (H019) は、両者とも関東地方において高頻度で観察されるものであることが挙げられる。関東地方では在来系ハプロタイプの分布は限られているため (小出水ほか, 2009; 小出水ほか, 2010), 関東地方から他地域へのドジョウ類の移殖があった場合, カラドジョウと中国系ドジョウの優占的ハプロタイプが持ち込まれやすいと考えられる。

一方, 関東地方における定着とは別に, 中国から新たにカラドジョウとドジョウが持ち込まれたのであれば, 中国大陸における両種の遺伝的多様性が著しく低い限りは, 関東などに定着した集団と同じハプロタイプの組み合わせで侵入するとは考えにくい。したがって, 関東地方に侵入定着したカラドジョウと中国系ドジョウが, 二次的に日本国内で拡散しているほうが, 可能性として考えやすい。あるいは, 愛知県において関東から二次的に拡散して定着したカラドジョウと中国系ドジョウの個体群が存在し, そこから隣県である岐阜県に持ち込まれたという可能性も考えられる。

愛知県では, 小出水ほか (2009) が尾張旭市, 弥富市, 田原市の標本を調査しており, 清水・高木 (2010a) においても庄内川水系中切川のドジョウの解析をしているが, 尾張旭市以外はすべて中国系ドジョウが分布している (補足: 清水・高木 (2010a) は中切川を岐阜県としているが, 該当する地名と河川名は愛知県春日井市と名古屋市北区にある)。愛知県内におけるカラドジョウの分布と中国系ドジョウのハプロタイプについての情報は不足しており, 岐阜県で見つかった外来ドジョウ類が関東地方から直接持ち込まれたのか, 愛知県を介してなのかは現時点では特定できない。しかし, 少なくともカラドジョウについては愛知県内での野外への放逐が条例で規制されており, その一方で愛知県から岐阜県への放流は規制されないため, 岐阜県においてもカラドジョウなどの外来種の移入に対する規制が必要だといえる。

謝 辞

羽島市のドジョウ類の採集に協力していただいた岐阜市立長森中学校の田中義光氏, ドジョウ類の形態の測定に協力していただいた岐阜県立岐阜高等学校自然科学部生物班の二村凌氏, 米川可奈子氏, 土岐市のドジョウの採集と塩基配列の決定に協力していただいた岐阜大学教育学部の木村敦子氏と古屋康則准教授, DNA 解析に協力していただいた岐阜大学総合研究支援センターゲノム分野の皆様, 標本登録をしていただいた岐阜県中津川市立坂下中学校の千藤克彦氏と岐阜県博物館の説田健一氏, 英文のチェックをしていただいた岐阜県立岐阜高等学校の高木裕子氏に深く感謝する。本研究の一部は環境省地球環境研究総合推進費 (課題番号 RF-0910) を使用した。また, 本研究の一部は岐阜市自然環境基礎調査としておこなった。

引用文献

- 愛知県, 2011. 条例に基づく移入種の公表について. <http://www.pref.aichi.jp/kankyo/sizen-ka/shizen/gairai/jorei.html> (2011.10.13 閲覧)
- 金尾滋史・上野世司, 2005. 滋賀県におけるカラドジョウの初記録と定着について. 関西自然保護機構会誌, **27**: 59-63.
- 加納光樹・斉藤秀生・瀨上聡子・今村彰伸・今井 仁・多紀保彦, 2007. 渡良瀬川水系の農業水路におけるカラドジョウとドジョウの出現様式と食性. 水産増殖, **55**: 109 - 114.
- 川崎隆徳・岡 友章, 2009. 福井県美浜町気山の水路で採集されたカラドジョウ. 福井陸水生物会報, **16**: 2-3.
- 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.
- 小出水規行・竹村武士・渡部恵司・森 淳, 2009. ミトコンドリア DNA によるドジョウ

- の遺伝的特性—チトクローム *b* 遺伝子の塩基配列による系統解析—. 農業農村工学会論文集, **259**: 7-16.
- 小出水規行・森 淳・中茎元一・水谷正一・西田一也・竹村武士・渡部恵司・朴明洙, 2010. 栃木県におけるドジョウの遺伝的クレードの解明. 農業農村工学会全国大会講演要旨集, pp.860-861.
- 松沢陽士・瀬能宏, 2008. 日本の外来魚ガイド. 文一総合出版, 東京.
- Morishima, K., Nakamura-Shiokawa, Y., Bando, E., Li, Y.-J., Boron, A., Khan, Md.M.R. and Arai, K., 2008. Cryptic clonal lineages and genetic diversity in the loach *Misgurnus anguillicaudatus* (Teleostei: Cobitidae) inferred from nuclear and mitochondrial DNA analyses. *Genetica*, **132**: 159-171.
- 農林水産省, 2008. 「田んぼの生きもの調査 2007」にかかるとる図表. <http://www.maff.go.jp/j/press/nousin/tikei/pdf/080701-04.pdf> (2011.10.13 閲覧)
- 農林水産省, 2006. (別紙) 農林水産省と環境省の連携による「田んぼの生きもの調査 2006」の結果について. http://www.maff.go.jp/j/press/2007/pdf/20070323press_8b.pdf (2011.10.13 閲覧)
- Saitou, N. and Nei, M., 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol.Biol.Evol.*, **4**: 406-425.
- 清水孝昭・高木基裕, 2010a. ミトコンドリア DNA による愛媛県を中心としたドジョウの遺伝的集団構造と攪乱, **57**: 13-26.
- 清水孝昭・高木基裕, 2010b. 愛媛県に侵入したカラドジョウ集団内に見られた起源の異なる 2 つの遺伝子系統. *魚類学雑誌*, **57**: 125-134.
- 自然環境研究センター, 2008. 決定版 日本の外来生物. 平凡社, 東京.
- Swofford, D. L., 2002. PAUP*. Phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods), version 4.0b10. Sinauer Associates, Sunderland.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. and Higgins, D.G., 1997. The Clustal_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nuc. Acids Res.*, **25**: 4876-4882.
- (2011年10月19日受領, 2011年11月17日受理)