

茨城県東連津川で見られたドジョウの2型

董 仕^{1,4}・谷口順彦^{1,2}・石田力三³

¹ 〒783-8502 高知県南国市物部乙200 高知大学農学部栽培漁業学科

² 現住所：〒981-8555 宮城県仙台市青葉区堤通雨宮町1-1 東北大学大学院農学研究科
(電子メール 谷口 nobuhiko@bios.tohoku.ac.jp)

³ 〒162-0825 東京都新宿区神楽坂3-2-12 マヤビル3F 水産環境研究所

⁴ 現住所：〒300381 中国天津市西青区 天津農学院水産科学系

(1999年1月5日受付；1999年6月2日改訂；1999年7月7日受理)

キーワード：ドジョウ，形態的・遺伝的2型，アイソザイム多型，メンデル集団

魚類学雑誌 Japanese Journal of Ichthyology

© The Ichthyological Society of Japan 1999

Shi Dong, Nobuhiko Taniguchi* and Rikizo Ishida. 1999. Two types of the loach *Misgurnus anguillicaudatus* collected from the Torentsu River. Japan. J. Ichthyol., 46(2); 83-90.

Abstract Loaches, *Misgurnus anguillicaudatus*, collected from Torentsu river, Ibaraki, Japan, were found to comprise two types based on the morphological and genetic traits. Complete substitution of alleles of the two types at the *AAT-2** and *GPI-1** loci were found, as well as significant differences in allele frequencies at eight other loci. The genetic distance between the two types was 0.4. The belly color was yellowish in type I and grayish in type II, and the average number of pre-current rays was 21.4 (range: 16-25) and 10.5 (range: 7-13), respectively. The results suggested that the two types should be regarded as a distinct biological species.

*Corresponding author: Graduate school of Agriculture, Tohoku University, Sendai, Miyagi 981-8555, Japan (e-mail: nobuhiko@bios.tohoku.ac.jp)

日本ではドジョウ属のドジョウ *Misgurnus anguillicaudatus* とカラドジョウ *M. mizolepis* の2種が生息する (Oliva and Hensel, 1961; 細谷, 1993; 齊藤, 1996; 森・内山, 1997)。それらのうち、ドジョウは北海道から琉球列島にいたる日本の各地に分布し (細谷, 1993)、カラドジョウは韓国から由来したものと思われる (齊藤, 1996; 森・内山, 1997)。ドジョウの地理的な遺伝的変異性については、Kimura (1978) が日本の本州に分布しているドジョウの8集団のアイソザイムマーカーを検出し、集団間の遺伝的距離により分けられる2つの異所的集団を発見しているが、形態的分化については不明である。

本研究では、茨城県日立市にある東連津川から採集されたドジョウ39尾の形態およびアイソザイムマーカーを調べたところ、形態的・遺伝的に区

別される同所性の2型が認められたので報告する。

材料および方法

茨城県日立市にある東連津川において1995年11月14日と12月26日の2回にわたって合わせて39尾のドジョウを採集し、生かしたまま高知大学へ空輸した。東連津川は上流端が日立市小木津町岩本に位置する延長4 km、流域面積10.5 km²の2級河川であり、採集地点は水面幅3~5 mの本流であった。それらの供試魚の他に比較のため、1995年8月23日に茨城県河内村にある利根川の下流で39尾、1996年7月18日に群馬県館林市にある利根川の上流で35尾、1995年8月30日に茨城県水戸市にある那珂川で40尾をそれぞれ採集した。実験室において体重と全長を測定し、一部の個体について倍数性判定のため採血したのち、アイソザ

イムを検出するまですべて -20°C にて冷凍保存した。

供試魚の筋肉と肝臓の解凍ドリップを粗酵素試料とし、水平式デンブengel電気泳動法によりアイソザイムを検出した。検出したアイソザイム、遺伝子座、用いたバッファ-および組織をTable 1に示した。酵素の省略名、酵素番号、遺伝子座、対立遺伝子、遺伝子型の命名および表記についてはShaklee et al. (1990)に従った。

電気泳動像によりすべての個体のアイソザイムの遺伝子型を判定し、ハーディ・ワインベルグ平衡の検定を行った。また、多型的遺伝子座率、1遺伝子座あたりの対立遺伝子数、平均ヘテロ接合体率(観察値 H_o および期待値 H_e)などの遺伝的変異性の指数の算出を行った(木村, 1960; Nei, 1978)。サンプル間のNeiの遺伝的距離(Nei, 1972)の計算およびUPGMA法によるサンプル間の遺伝的類縁性はコンピュータソフトPHYLIP (Felsenstein, 1993)によった。

東連津川からの供試魚についてアイソザイム分析の後、10%ホルマリンで固定し、形態形質の測定は基本的にKottelat (1984)によった。脊椎骨数および尾柄部の尾鰭前部鱗条(Procurrent ray)の計数には軟X線写真を用い、ウェーバー器官を4つの脊椎として数えた(鈴木ほか, 1994)。側線鱗数は、中坊(1993)により肩帯に接する鱗から下尾骨の後端までの鱗を数えた。

結 果

アイソザイム多型

東連津川、利根川下流、利根川上流および那珂川の各サンプル群から検出された14遺伝子座における遺伝子頻度をTable 2に示した。14遺伝子座のうち12遺伝子座は多型的で、2遺伝子座は単型的であった。対立遺伝子数は $GPI-1^*$ および $MDH-2^*$ がそれぞれ5、 $AAT-2^*$ 、 $GPI-2^*$ がそれぞれ4、 $AAT-1^*$ 、 $GAPDH^*$ 、 $IDHP-1^*$ 、 $MDH-1^*$ がそれぞれ3、 CK^* 、 $IDHP-2^*$ 、 $MDH-1^*$ 、 PGM^* がそれぞれ2であり、 $LDH-2^*$ と $MDH-3^*$ は単型的であった。

アイソザイムによる東連津川サンプル群のI型、II型の分離

東連津川の39尾からなるサンプル群において、多型的遺伝子座におけるハーディ・ワインベルグ平衡の χ^2 の検定を行ったところ、 $AAT-2^*$ 、 $GPI-1^*$ 、 $IDHP-1^*$ 、 $IDHP-2^*$ 、 $LDH-1^*$ の5遺伝子座においてヘテロ接合体率の観察値と期待値の間に有意差が認められ(Table 3)、この集団が1つのメンデル集団ではないことが明らかになった。そこで、完全置換の見られた $AAT-2^*$ と $GPI-1^*$ 遺伝子座の対立遺伝子をマーカーとして供試魚を2つの集団に分離し、 $AAT-2^*$ 、 $GPI-1^*$ 遺伝子座ともに $*b$ 以外の遺伝子を有するサンプル(22尾)をI型とし、 $*b$ 遺伝子を有するサンプル(17尾)をII型とした(Table

Table 1. Enzymes examined, loci detected, tissues assayed and buffers used

Enzyme	E. C.	Locus	Tissue	Buffer* ¹
Aspartate aminotransferase (AAT)	2. 6. 1. 1	$AAT-1^*$ $AAT-2^*$	Muscle, Liver Muscle, Liver	C-APM C-APM
Creatine kinase (CK)	2. 7. 3. 2	CK^*	Muscle	C-APM
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH)	1. 2. 1. 12	$GAPDH^*$	Muscle	C-APM
Glucosephosphate isomerase (GPI)	5. 3. 1. 9	$GPI-1^*$ $GPI-2^*$	Muscle, Liver Muscle, Liver	C-APM C-APM
Isocitrate dehydrogenase (IDHP)	1. 1. 1. 42	$IDHP-1^*$ $IDHP-2^*$	Liver Muscle	C-APM T-C
Lactate dehydrogenase (LDH)	1. 1. 1. 27	$LDH-1^*$ $LDH-2^*$	Muscle Muscle	C-APM C-APM
Malate dehydrogenase (MDH)	1. 1. 1. 37	$MDH-1^*$ $MDH-2^*$ $MDH-3^*$	Liver Muscle Muscle, Liver	C-APM C-APM C-APM
Phosphoglucomutase (PGM)	5. 4. 2. 2	PGM^*	Muscle	T-C

*¹ Taniguchi and Okada (1980).

2; Fig. 1).

I型およびII型に分離した後、それぞれのサンプル群についてハーディ・ワインベルグ平衡の χ^2 の検定を行った結果、すべての遺伝子座において有意差は認められなかった (Table 3). また、多型の見られた遺伝子座における型間の異質性検定試験

の結果、12 遺伝子座のうち、8つの遺伝子座において顕著な有意差が認められた (Table 3). これらのことより、I型とII型は互いに独立した繁殖集団 (メンデル集団) に由来することが証明された.

ドジョウには自然界に3倍体および4倍体が発見すると報告されているが (Arai et al., 1991), 1000

Table 2. Allele frequencies at 14 isozyme loci in loach

Locus	Allele	Torentsu river			Tone river		Naka river
		Total	Type I	Type II	Lower reach	Upper reach	
<i>AAT-1*</i>	*a	0.0256	0.0455	0	0.0641	0.0143	0.0256
	*b	0.8974	0.8636	0.9412	0.8974	0.9286	0.9231
	*c	0.0769	0.0909	0.0588	0.0385	0.0571	0.0513
<i>AAT-2*</i>	*a	0	0	0	0	0	0.0125
	*b	0.4359	0	1.0000	0	0.0286	0
	*c	0.5513	0.9773	0	0.9872	0.9714	0.9750
	*d	0.0128	0.0227	0	0.0128	0	0.0125
<i>CK*</i>	*a	0.1026	0.1818	0	0.0256	0.1286	0.1500
	*b	0.8974	0.8182	1.0000	0.9744	0.8714	0.8500
<i>GAPDH*</i>	*a	0.0128	0.0227	0	0	0	0.0125
	*b	0.9744	0.9773	0.9706	0.8333	0.9143	0.8750
	*c	0.0128	0	0.0294	0.1667	0.0857	0.1125
<i>GP I-1*</i>	*a	0	0	0	0.0385	0.0857	0.0500
	*b	0.4359	0	1.0000	0.0256	0.0429	0.0625
	*c	0.5128	0.9090	0	0.8333	0.6857	0.8000
	*d	0.0256	0.0455	0	0	0.1000	0
	*e	0.0256	0.0455	0	0.1026	0.0857	0.0875
<i>GP I-2*</i>	*a	0.0897	0.1364	0.0294	0.1410	0.1857	0.0125
	*b	0.2436	0.4318	0	0.5256	0.4000	0.3875
	*c	0.5769	0.4318	0.7647	0.3205	0.4143	0.5875
	*d	0.0897	0	0.2059	0.0128	0	0.0125
<i>IDHP-1*</i>	*a	0	0	0	0.0641	0	0.0375
	*b	0.5263	0.8636	0.0625	0.7949	0.9286	0.8750
	*c	0.4737	0.1364	0.9375	0.1410	0.0714	0.0875
<i>IDHP-2*</i>	*a	0.3462	0.6136	0	0.6795	0.5857	0.8553
	*b	0.6538	0.3864	1.0000	0.3205	0.4143	0.1447
<i>LDH-1*</i>	*a	0.4744	0.0682	1.0000	0	0.0857	0
	*b	0.5256	0.9318	0	1.0000	0.9143	1.0000
<i>LDH-2*</i>	*a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>MDH-1*</i>	*a	0.1316	0.2273	0	0.0513	0.0571	0.0875
	*b	0.8684	0.7727	1.0000	0.9231	0.9143	0.8125
	*c	0	0	0	0.0256	0.0286	0.1000
<i>MDH-2*</i>	*a	0.0128	0.0227	0	0	0	0
	*b	0.0128	0	0.0294	0	0	0
	*c	0.9615	0.9773	0.9412	1.0000	0.9857	0.9125
	*d	0	0	0	0	0.0143	0.0875
	*e	0.0128	0	0.0294	0	0	0
<i>MDH-3*</i>	*a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>PGM*</i>	*a	0.9487	0.9091	1.0000	0.8846	0.9571	0.9375
	*b	0.0513	0.0909	0	0.1154	0.0429	0.0625

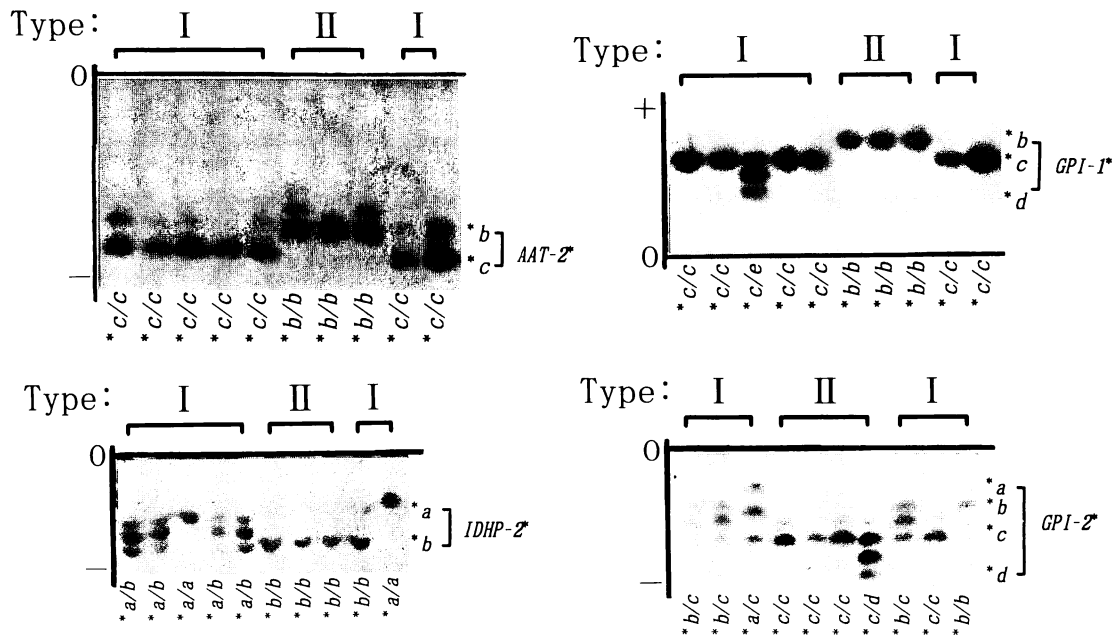


Fig. 1. Isozyme patterns of two types I and II of loach.

倍の顕微鏡でI型とII型の赤血球の長径を測った結果、両型とも2倍体であると判定された。

Table 3. X^2 test for departure from Hardy-Weinberg equilibrium in main alleles of polymorphic isozyme loci, and X^2 for heterogeneity between the types I and II

Locus	X^2 Value for departure from Hardy-Weinberg equilibrium		X^2 value for heterogeneity between types I and II
	Total samples	Type I Type II	
AAT-1*	0.51	0.55 0.07	*b: 1.25
AAT-2*	39.02**	0.01 0.00	*a: 78.00**
CK*	0.51	1.09 0.00	*b: 6.89**
GAPDH*	0.03	0.01 0.02	*b: 0.03
GPI-1*	39.40**	0.22 0.00	*a: 78.00**
GPI-2*	6.23	1.69 0.43	*c: 8.71**
IDHP-1*	12.69**	0.55 0.07	*b: 47.69**
IDHP-2*	14.20**	2.38 0.00	*b: 31.91**
LDH-1*	27.90**	0.12 0.00	*a: 66.79**
MDH-1*	3.63	1.10 0.00	*b: 8.38**
MDH-2*	0.06	0.01 0.07	*c: 0.68
PGM*	0.11	0.22 0.00	*a: 3.26

** $p < 0.01$.

遺伝的変異性およびNeiの遺伝的距離

多型的遺伝子座率はI型で0.643, II型で0.286であった。また, 1遺伝子座あたりの対立遺伝子数はI型で2.07, II型で1.50であった。平均ヘテロ接合体率の観察値および期待値はそれぞれI型で0.201と0.200, II型で0.055と0.055であった。これらのことからI型の遺伝的変異性がII型のそれより高いことがわかった。平均ヘテロ接合体率の観察値と期待値の比はI型で1.005, II型で1.000であり, 両値はよく合致していた (Table 4)。I型とII型間の遺伝的距離は0.400であり (Table 5), 種レベルの遺伝的分化 (Taniguchi et al., 1986) が認められた。

一方, 利根川下流, 利根川上流, 那珂川から採集したドジョウ (114尾) のアイソザイム遺伝子組成を解析した結果, これら3サンプル群の遺伝子組成はI型と類似し, 両者間の遺伝的距離は平均0.010であった。それらとII型との遺伝的距離が平均0.403であり, I型とそれらとの間の平均遺伝的距離の約40倍であった (Table 5)。それら114尾のうち, AAT-2* 遺伝子座において, *b/bホモ接合体を1個体, GPI-1* 遺伝子座において, *b/bホモ接合体を1個体, *b遺伝子を保有するヘテロ接合体を8個体検出した。UPGMA法により作成した遺伝的距離のデンドログラム (Fig. 2) はI型とII型が

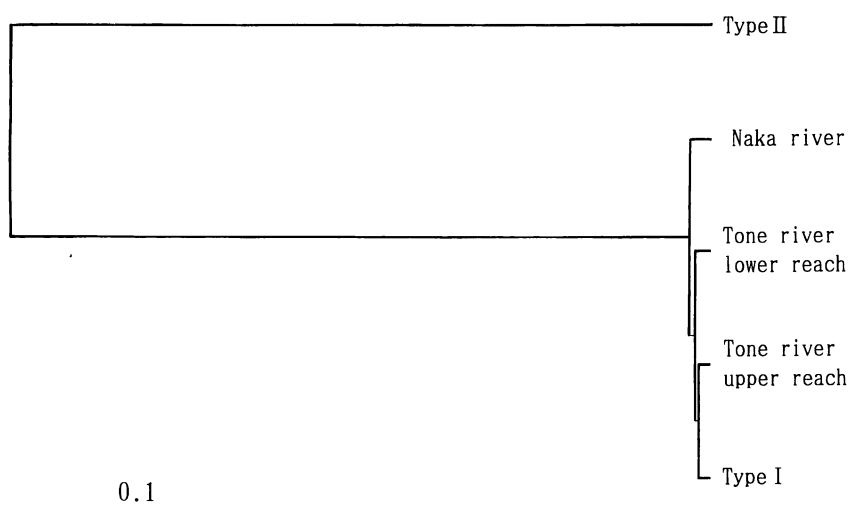


Fig. 2. UPGMA dendrogram based on Nei's genetic distance among 5 samples of loach.

明瞭なクラスターを形成することを示した。

形態形質

I型とII型はともにドジョウの形態的特徴(松原, 1979; 細谷, 1993)を備えながら, 幾つかの形質

Table 4. Genetic variabilities for loach evaluated by 14 isozyme loci

	Torentsu river		Tone river	Tone river	Naka river
	Type I	Type II	lower reach	upper reach	
No. of polymorphic loci*	9	4	8	9	10
Proportion of polymorphic loci	0.643	0.286	0.571	0.643	0.714
No. of Allele per locus	2.07	1.50	2.21	2.29	2.43
Heterozygosity:					
Observed (Ho)	0.201	0.055	0.183	0.184	0.183
Expected (He)	0.200	0.055	0.183	0.197	0.185
Ho/He	1.005	1.000	1.000	0.934	0.989

* 95% criterion of polymorphism.

Table 5. Genetic distance among 5 samples of loach based on 14 isozyme loci

	Torentsu river		Tone river	Tone river
	Type I	Type II	lower reach	upper reach
Torentsu river, Type II	0.400			
Tone river, lower reach	0.010	0.410		
Tone river, upper reach	0.007	0.366	0.008	
Naka river	0.012	0.432	0.012	0.013

において差異が認められた。

生時、体側腹面の色はI型では黄色味、II型では灰色を帯びていた。体長に対する吻長、頭長、頭幅、背鰭前部長、両眼間隔および胸鰭鰭条長の割合、側線鱗数は型間で有意差は認められなかった。一方、II型はI型と比べやや尾柄長が長く、体高が低く、眼径が小さく、背鰭鰭条が短く、脊椎骨数が多く、これらの形質において顕著な有意差 ($P<0.001$) が認められた (Table 6)。

さらに、I型の尾柄部の縁辺上部の尾鰭前部鰭条数 (Procurrent ray) は16から25 (平均21.4)、II型のそれは7から13 (平均10.5) であった。この形質においてI型とII型の間には重複がなく、これにより両型を判別できることがわかった (Table 6, Fig.

3, 4)。一方、利根川下流、利根川上流および那珂川の3サンプル群では10個体ずつ計数し、尾柄部の縁辺上部の尾鰭前部鰭条数は15から25 (平均20.1) であり、I型とほぼ同じであった。

以上の結果より、I、II両型が互いに種レベルの分化をとげている集団であり、I型は形態的・遺伝的に利根川下流、利根川上流および那珂川の3サンプル群と同質であることが判明した。

考 察

日本ではドジョウ属のドジョウとカラドジョウの2種が生息する (細谷, 1993; Oliva and Hensel, 1961; 斉藤, 1996; 森・内山, 1997)。Oliva and Hensel (1961) は鰓蓋骨の中心または後縁から背鰭

Table 6. Average values (range, \pm SD) of morphological characters of two types of loach

	Type I	Type II
Number of sample	22	17
Standard length (mm)	77.2 (49.5–106.8, \pm 13.50)	74.8 (45.0– 99.0, \pm 17.82)
Percentage in SL (%)		
Total length	119.3 (117.3–122.0, \pm 1.24)	118.5 (116.2–119.8, \pm 1.19)*
Body depth	12.7 (11.6– 14.0, \pm 0.72)	11.6 (10.2– 12.8, \pm 0.71)***
Body width	8.3 (7.0– 9.4, \pm 0.69)	7.6 (6.4– 8.9, \pm 0.62)**
Snout length	5.8 (5.1– 6.4, \pm 0.39)	5.8 (5.0– 6.6, \pm 0.41)
Head length	16.1 (14.9– 18.0, \pm 0.71)	16.2 (14.3– 18.4, \pm 1.07)
Head depth	10.3 (9.6– 11.1, \pm 0.37)	9.8 (8.8– 11.1, \pm 0.61)
Head width	8.0 (6.8– 9.0, \pm 0.54)	7.7 (6.8– 8.5, \pm 0.45)
Pre-dorsal fin length	58.4 (55.4– 61.3, \pm 1.48)	58.6 (55.2– 61.5, \pm 1.73)
Pre-pelvic fin length	61.1 (58.0– 63.2, \pm 1.50)	59.7 (57.0– 62.5, \pm 1.61)**
Pre-anal fin length	77.4 (74.5– 80.0, \pm 1.50)	75.9 (73.5– 78.3, \pm 1.32)**
Orbital diameter	2.6 (2.0– 3.1, \pm 0.30)	2.1 (1.5– 2.6, \pm 0.29)***
Interorbital width	3.5 (2.9– 4.3, \pm 0.32)	3.4 (2.9– 3.9, \pm 0.28)
Dorsal fin length	12.1 (9.5– 13.5, \pm 1.01)	10.8 (7.8– 12.4, \pm 1.21)***
Anal fin length	10.5 (9.3– 12.2, \pm 0.86)	9.9 (7.8– 11.7, \pm 1.07)*
Pectoral fin length* ¹	12.9 (8.6– 17.2, \pm 2.51)	11.7 (8.2– 15.8, \pm 2.57)
Pelvic fin length	8.7 (7.4– 11.5, \pm 1.07)	7.5 (5.8– 10.0, \pm 1.08)**
Caudal fin length	19.3 (17.3– 22.0, \pm 1.24)	18.5 (16.2– 19.8, \pm 1.19)*
Caudal peduncle length	14.0 (10.9– 17.0, \pm 1.23)	15.8 (13.3– 18.4, \pm 1.34)
Caudal peduncle depth	9.7 (8.6– 10.8, \pm 0.62)	9.2 (7.8– 10.1, \pm 0.72)*
Caudal peduncle length/ Caudal peduncle depth	1.5 (1.2– 1.7, \pm 0.13)	1.7 (1.4– 2.2, \pm 0.22)***
Number of vertebrae	45.6 (44 – 48 , \pm 0.85)	47.5 (46 – 49, \pm 1.07)***
Number of upper side precaudal ray	21.4 (16 – 25 , \pm 2.58)	10.5 (7 – 13, \pm 1.42)**
Number of lateral line scale* ²	153.0 (146 – 155 , \pm 3.94)	149.4 (145 – 154, \pm 4.04)

*¹ 15 samples on Type II.

*² 5 samples in each Type.

* $p<0.05$.

** $p<0.01$.

*** $p<0.001$.

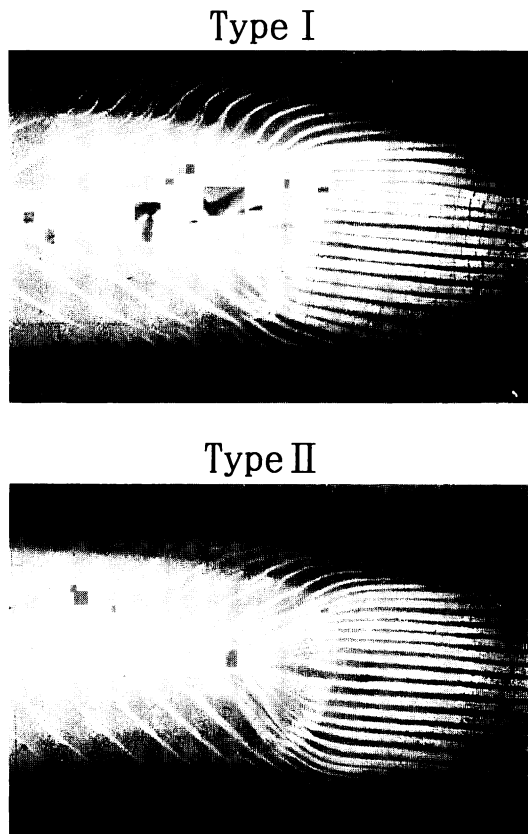


Fig. 3. Soft X-ray photograph of caudal peduncle of two types I and II of loach to indicate number of upper side precaudal ray.

始部までの長さ、背鰭始部から尾鰭基部までの長さが同じであるものはドジョウで、前鰓蓋骨の縁から背鰭始部までの長さ、背鰭始部から尾鰭基部までの長さが同じであるものはカラドジョウとしている。また、カラドジョウの尾柄長は頭長と同じかそれより長い。森・内山 (1997) は日本に分布しているカラドジョウが朝鮮半島原産の外来種で、ドジョウに比べ体高が高く、尾柄部が太いと述べている。Yang et al. (1994) はドジョウは側線鱗数が141から185、尾柄部縁辺上部の尾鰭前部鰭条数 (Yang et al. (1994) が使用した英語は unbranched spinour fin ray of above caudal fin) が14から19であり、カラドジョウは側線鱗数が106から123、尾柄部縁辺上部の尾鰭前部鰭条数が31-39であると報告した。体色についてはドジョウの腹面は白色または黄色味を帯び (落合・田中, 1986; 鈴木ほか, 1994)、カラドジョウは赤褐色からオリーブ色を帯びるものが多い (金・姜, 1993; 森・内山, 1997)。

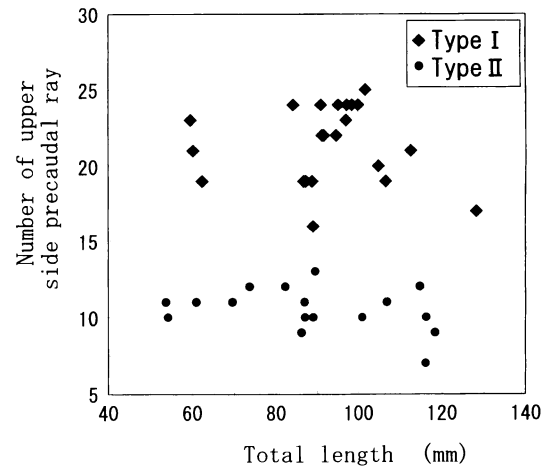


Fig. 4. Difference in the number of procurrent ray of type I and II of loach.

本研究において調べたドジョウについては鰓蓋の後縁から背鰭始部までの長さ、背鰭始部から尾鰭の基部までの長さの比はI型で84.5%から119.4% (平均102.1%)、II型で87.1%から114.2% (平均102.4%)、腹面の体色においてはI型は黄色味、II型は灰色を帯び、尾柄部縁辺上部の尾鰭前部鰭条数においてはI型では16から25 (平均21.4)、II型では7から13 (平均10.5)、側線鱗数においてはI型では146から155 (平均153.0)、II型では145から154 (平均149.4)であった。これらの形態形質に基づき、I型とII型はともにカラドジョウでないと考えられた。

Kimura (1978) は東北から近畿地方の合計8集団の10遺伝子座における遺伝子組成を解析し、東北、関東地方集団と中部近畿地方集団間の遺伝的距離は平均0.316と著しく大きく、2つの地理的品種であると報告した。しかし、この研究では形態形質のデータがなく、検出したタンパク質およびアイソザイムにもマーカー遺伝子に共通性がないため、直接比較することができなかった。今後、両型との関係を明らかにする必要がある。

利根川下流、利根川上流、那珂川から採集したドジョウ (114尾) のアイソザイム遺伝子組成を解析したところ、I型がこれら3サンプル群の遺伝子組成と類似しており、I型が従来から認められてきたもので、II型は本研究において初めて確認されたものと考えられる。また、東連津川以外の114尾のうち、AAT-2* 遺伝子座において、*b/bホモ接合体を1個体、GPI-1* 遺伝子座において、*b/bホモ

接合体を1個体、*b遺伝子を保有するヘテロ接合体を8個体検出したが、これらがII型またはI型とII型の雑種である可能性が考えられ、形態的・遺伝的に検討する必要がある。

以上の結果より、東連津川には遺伝的、形態的に異なる2型のドジョウが同所的に生息していることが明らかとなった。それらのうち、I型は従来から日本の淡水域に広く生息していたドジョウにあたり、II型はそれとは異なる希少集団と考えられる。しかし、II型が外国から移入されたものか、もともと日本に存在していたか不明で、今後、II型の分類学的位置づけを解明するために、国外を含む広範囲の調査研究を行う必要がある。また、分類学的にはI型とII型のどちらが*M. anguillicaudatus*に当たるのかは不明で、模式標本を精査することが求められる。

本稿をとりまとめるにあたり、文献およびご助言をいただいた中央水産研究所の細谷和海博士、韓国語の文献を訳していただいた韓国国立水産振興院蔚珍種育苗培養場のHyon-Sob Han博士に深く感謝申し上げます。

引用文献

- Arai, K., K. Matsubara and R. Suzuki. 1991. Karyotype and erythrocyte size of spontaneous tetraploidy and triploidy in the loach *Misgurnus anguillicaudatus*. *Nippon Suisan Gakkaishi*, 57: 2167-2172.
- Felsenstein, J. 1993. PHYLIP (Phylogeny Inference Package, Version 3.5). Seattle, WA: Department of Genetics, SK-50, University of Washington.
- 細谷和海. 1993. ドジョウ科 Cobitidae loaches. 中坊徹次(編), pp. 231-235. 日本産魚類検索 全種の同定. 東海大学出版会, 東京.
- Kim, I. S. and U. J. Kang. 1993. Coloured Illustrations of the fishes of Korea. Academy Publishing Company, Seoul. pp.178-179. (In Korean.)
- Kimura, M. 1978. Protein polymorphism and geographic variation in the loach *Misgurnus anguillicaudatus*. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.*, 9: 13-20.
- 木村資生. 1960. 集団遺伝学概論. pp.267-268. 培風館, 東京.
- Kottelat, M. 1984. Revision of the Indonesian and Malaysian loaches of the subfamily noemacheilinae. *Japan. J. Ichthyol.*, 31: 225-260.
- 松原喜代松. 1979. 魚類の形態と検索I. pp. 309-310. 石崎書店, 東京.
- 森 文俊・内山りゅう. 1997. 淡水魚. p. 68, p. 205. 山と溪谷社, 東京.
- 中坊徹次. 1993. 魚類概説. 中坊徹次(編), pp. VIII-XXIII. 日本産魚類検索 全種の同定. 東海大学出版会, 東京.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Natur.*, 106: 283-292.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583-590.
- 落合 明・田中 克. 1986. 魚類学(下). pp. 544-551. 恒星社厚生閣, 東京.
- Oliva, O and K. Hensel. 1961. Some remarks on eastern asiatic loaches of the genus *Misgurnus* (Cobitidae). *Japan. J. Ichthyol.*, 8: 86-91.
- 斉藤憲治. 1996. ドジョウ. 川那部浩哉・水野信彦(編・監修), p.382. 日本の淡水魚. 山と溪谷社, 東京.
- Shaklee, J. B., F. W. Allendorf, D. C. Morizot and G. S. Whitt. 1990. Gene nomenclature for protein-coding loci in fish. *Transactions of the American Fisheries Society*, 119: 2-15.
- 鈴木 栄・村井貴史・中坊徹次. 1994. ドジョウ. 落合明(編), pp. 92-93. 魚類解剖大図鑑(解説編). 緑書房, 東京.
- 谷口順彦・岡田容典. 1980. マダイの生化学的多型に関する遺伝学的研究. *日本水産学会誌*, 46: 437-443.
- Taniguchi, N., M. Fujita and M. Akazaki. 1986. Genetic divergence and systematics in sparid fish from Japan. Pages 849-858 in T. Uyeno, R. Arai, T. Taniuchi and K. Matsumura, eds. *Indo-Pacific Fish Biology: Proceedings of the Second International Conference on Indo-Pacific Fishes*, Ichthyological Society of Japan, Tokyo.
- Yang, S. Y., H. J. Yang, S. R. Jeon, M. M. Nam, M. S. Min and J. H. Kim. 1994. Systematic study on the fishes of the family Cobitidae (Pisces, cypriniformes) 3. Taxonomic study on morphological variation of the *Misgurnus anguillicaudatus* and *M. mizolepis* from Korea. *Bulletin of Institute for Basic Science of Inha University*, 15: 79-86. (In Korean.)