



## 福井県三方湖に流入する水路から得られた西限記録となる ドジョウ隠蔽種 *Misgurnus* sp. Type I sensu Okada et al., 2017

八嶋勇氣<sup>1</sup>・岡田龍也<sup>2</sup>・北川忠生<sup>1</sup>

### Author & Article Info

<sup>1</sup> 近畿大学大学院農学研究科 (奈良市)  
 YY: yuuki229@gmail.com (corresponding author)

TK: tkitagaw@nara.kindai.ac.jp

<sup>2</sup> 近畿大学農学部環境管理学科 (奈良市)  
 cop1008bz@yahoo.co.jp

Received 19 April 2021

Revised 28 April 2021

Accepted 29 April 2021

Published 01 May 2021

DOI 10.34583/ichthy.8.0\_1

Yuki Yashima, Ryuya Okada and Tadao Kitagawa. 2021. Westernmost record of dojo loach *Misgurnus* sp. Type I from tributary of Lake Mikata, Fukui Prefecture, Japan. *Ichthy, Natural History of Fishes of Japan*, 8: 1–4.

### Abstract

A single specimen (92.6 mm standard length) of the dojo loach *Misgurnus* sp. Type I sensu Okada et al., 2017 was collected from a channel flowing into Lake Mikata, Fukui Prefecture, central Japan, where a related dojo loach species, *Misgurnus anguillicaudatus* (Cantor, 1842), occurred sympatrically with the former. Since *Misgurnus* sp. Type I had been previously reported from Sakhalin to the Shono-gawa river system in Fukui Prefecture, this specimen represents the westernmost record for the species. No evidence of hybridization between the two dojo species was detected in the result of the nuclear DNA analysis.

ドジョウ属 *Misgurnus* (コイ目ドジョウ科) は、日本列島を含む東アジアの河川や湿地を中心とした淡水域に幅広く生息する小型の淡水魚である (斎藤, 1989)。従来、国内に生息するドジョウ属はドジョウ *Misgurnus anguillicaudatus* (Cantor, 1842) の 1 種のみと考えられていた (斎藤, 1989; 細谷, 2013)。しかし、国内外のドジョウ属を対象とした遺伝学的解析により、*M. anguillicaudatus* と同定されてきた個体群内に広く認められるものとは大きく分化したミトコンドリア DNA (mtDNA) の遺伝子型が、在来分布であるかは定かでないが、サハリン、北海道、本州の東北、関東および北陸地方の一部の集団から不連続的に検出された (Morishima et al., 2008; 小出水ほか, 2009; Perdices et al., 2012; Yamada et al., 2015; Fujimoto et al., 2017)。大陸産の同属および近縁属の系統類縁関係から、

この不連続分布する mtDNA 型はドジョウ属の本来の遺伝子型 (Type I) で、広域に分布する *M. anguillicaudatus* を特徴づける mtDNA 型は過去のシマドジョウ属 *Cobitis* からの遺伝子移入に由来する遺伝子型 (Type II) であることが明らかにされている (Kitagawa et al., 2011)。Okada et al. (2017) は、福井県嶺南地方に位置する筈の川水系の中池見湿地において、2つの異なる mtDNA 型を持つドジョウ個体間で交雑個体が認められないことから、2つの mtDNA 型の集団間に生殖的な隔離があることを示した。また、Type II は東アジアを含め従来 *M. anguillicaudatus* と同定されてきたほとんどの個体を持つ一方、Type I は *Cobitis anguillicaudata* Cantor, 1842 (= *M. anguillicaudatus*) の模式産地である中国から不連続的にはなれた本州の中部以東からしかみとめられず、この遺伝子型を示す個体に *M. anguillicaudatus* との形態的差異があることが報告されていることから、Type II が *M. anguillicaudatus* を特徴付ける遺伝子型であると推察される (Okada et al., 2017; 中島・内山, 2017)。つまり、広域分布する *M. anguillicaudatus* とは別に、国内産のドジョウ属魚類には Type I を有する隠蔽種 *Misgurnus* sp. Type I sensu Okada et al., 2017 が含まれていることになる。

なお、中島・内山 (2017) は北海道と本州東部に生息するドジョウ属の 1 種 *Misgurnus* sp. (Clade A) sensu Nakajima and Uchiyama, 2017 に対して、北海道網走川水系産の個体に基づき新標準和名キタドジョウを提唱したが、キタドジョウと *Misgurnus* sp. Type I が同一種にあたるかについては、両者を遺伝子型や形態的特徴にもとづき比較検討を行った研究例がないため不明である。

これまで、*Misgurnus* sp. Type I の分布は日本海側の中池見湿地が西限とされていたが (Morishima et al., 2008; 小出水ほか, 2009; Perdices et al., 2012; Okada et al., 2017)、2020 年 8 月 9 日に中池見湿地より約 20 km 西に位置する福井県三方上中郡若狭町の三方湖に流入する水路 (35°34'13.5"N, 135°54'20.7"E) から得られた 7 個体のドジョウ属魚類について mtDNA の解析を行ったところ、この中の 1 個体から Type I の mtDNA 型が検出された。Okada et al. (2017)



Fig. 1. Fresh specimen of *Misgurnus* sp. Type I from channel flowing into Lake Mikata, Fukui Prefecture, Japan. KUN-P 60032, 92.6 mm standard length.

は、中池見湿地に生息する *Misgurnus* sp. Type I と同所的に生息する *M. anguillicaudatus* が mtDNA および核 DNA マーカーによって種判別が可能であること、総脊椎骨数が *M. anguillicaudatus* が 44–48 であるのに対して、*Misgurnus* sp. Type I は 48–51 とより多い傾向にあることを報告している。

今回、福井県で Type I の mtDNA 型が検出された個体について Okada et al. (2017) にしたがって核 DNA との遺伝子解析と総脊椎骨数の比較検討を行ったところ *Misgurnus* sp. Type I に同定されたので、本種の西限分布記録として形態情報とともに報告する。

#### 材料と方法

福井県三方上中郡若狭町の三方湖に流入する水路で得られた 7 個体のドジョウについて遺伝解析を行うために、右腹鰭の一部を切り取り DNA 分析用の資料として 100% エタノール中に保存した。本報告に用いた標本は近畿大学農学部 (KUN) に登録した (KUN-P 60029–60035)。

各個体をもつ mtDNA の Type I と Type II の種判別は Okada et al. (2017) にしたがった。DNA 用の試料の一部から Asahida et al. (1996) にしたがって全 DNA を抽出し、各個体から得られた全 DNA について、mtDNA のシトクローム *b* 遺伝子領域 (*cyt b*) の PCR 産物を対象とした制限断片長多型分析 (PCR-RFLP 分析) を行った。この際の制限処理は、制限酵素 *Dde* I (タカラバイオ株式会社、滋賀) を用いた。また、核 DNA による種判別は、Okada et al. (2017) で報告された核 DNA 上の 1 つの遺伝子領域 (*RNase h2*) を対象として、制限酵素 *Alu* I (タカラバイオ株式会社、滋賀) を用いた PCR-RFLP 分析を行った。

総脊椎骨数 (Total vertebrae) は鈴木ほか (1994) にしたがってウェーバー器官を 4 つの脊椎として数えた。骨格系の観察は標本の軟 X 線写真を用いた。計数は Kottelat and Freyhof (2007)、計測は Kottelat (1984) にしたがった。標準体長は体長、または SL と表記した。計測にはデジタルノギスを用い 0.1 mm 単位で測定し、計測値は体長に対する百分率 (%) で示した。生鮮時の体色の記載はカラー写真に基づいた。

#### 結 果

**PCR-RFLP 分析による種判別** mtDNA の PCR-RFLP 分析によって確認された *Dde* I 処理による DNA 断片の組み合わせを Okada et al. (2017) と照合したところ、KUN-P 60032 はおよそ 380, 350, 250 および 120 bp で Type I と、その他の 6 個体は 700, 330 および 70 bp で Type II と判別された。核 DNA の PCR-RFLP 分析の結果についても得られた DNA 断片の組み合わせを Okada et al. (2017) と照合したところ、KUN-P 60032 で DNA 断片およそ 400, 320, 130, 70 および 30 bp となり *Misgurnus* sp. Type I、その他の 6 個体でおよそ 240, 210, 160, 150, 100, 80, 50, 50 および 40 bp で *M. anguillicaudatus* と判別された。なお、上記のバンドパターンから、いずれの個体もヘテロ接合体ではないことが確認されたため、雑種ではない純粋な個体であると判定された。

**総脊椎骨数の比較** mtDNA および核 DNA の PCR-RFLP 分析から *M. anguillicaudatus* と判別された 6 個体と *Misgurnus* sp. Type I と判別された KUN-P 60032 の総脊椎骨数の比較を行ったところ、*M. anguillicaudatus* と判別された 6 個体の総脊椎骨数は 44–47 であるのに対し、*Misgurnus* sp. Type I と判別された KUN-P 60032 の総脊椎骨数は 49 であり、他 6 個体より総脊椎骨数が多かった。また、*M. anguillicaudatus* と判別された 5 個体と、*Misgurnus* sp. Type I と判別された KUN-P 60032 の総脊椎骨数の値は、Okada et al. (2017) で報告されている *M. anguillicaudatus* と *Misgurnus* sp. Type I の範囲にそれぞれ含まれた。

**福井県産 *Misgurnus* sp. Type I の記載** 以上の解析により、KUN-P 60032 (Fig. 1) は *Misgurnus* sp. Type I と同定されたため、以下にこの個体の形態的特徴を示す。

標本の計数と計測値は Table 1 に示した。体は円筒状で尾柄部にかけて側扁する。眼は頭部背面に位置し、やや小さく、頭長の 12.9%。下口唇には 2 対の口髭がある。上口唇には 3 対の口髭を有し、第 1 口髭長は頭長の 31.6%、第 2、第 3 口髭長は頭長の 29.2%。尾柄部の背面と腹面にはキール状の弱い膜鰭が発達し、膜鰭を含む尾柄高は体高と同程度。背鰭のやや後方の両体側上方に 1 対の肉質の瘤状隆起を持つ。体表は皮下に埋没した細かい鱗で被われる。胸鰭

は第1分枝軟条が最長で最も太く、その基部には基底付近のふくらみの弱いシャモジ状に近い骨質盤を持つ。背鰭は体の中央よりわずかに後方に位置し、第3分枝軟条が最長。腹鰭は背鰭第3分枝軟条基部の直下から始まり、第2分枝軟条が最長で腹鰭を後方に倒したとき、その後端は肛門にわずかに達しない。臀鰭は肛門よりわずかに後方から始まり、第3分枝軟条が最長。尾鰭は後端がやや突出する菱形に近い楕円形。

生鮮時の色彩は、頭部と体側の上方は赤みのある褐色で、腹面に向かうにしたがい肛門より前は、やや黄色みのある褐色となる。尾柄は、背面、腹面共に周縁が薄い白みがかかった茶色を帯びる。虹彩は朱色で、瞳孔は黒色。頭部の鰓蓋付近はやや金属光沢を帯びる。体側に目立った斑紋はないが、尾柄の背面付近に不明瞭な暗色の斑紋を有する。尾鰭基部に上下2つの暗色斑を有し、上部の暗色斑は比較的明瞭であるが下部の暗色斑は不明瞭。尾鰭には不明瞭な暗色斑が弧状の横帯として並ぶ。背鰭の鰭膜と軟条の基底部付近には黒色素胞が密集する。胸鰭、腹鰭、臀鰭に模様はない。

Table 1. Counts and proportional measurements of *Misgurnus* sp. Type I from channel flowing into Lake Mikata, Fukui Prefecture, Japan.

	KUN-P 60032
Standard length (SL; mm)	92.6
Counts	
Dorsal-fin rays	iii+6
Pectoral-fin rays	i+9
Anal-fin rays	iii+5
Pelvic-fin rays	ii+5
Caudal-fin rays	8+8
Total vertebrae	49
Measurements	
As % SL	
Head length	18.5
Head depth	7.1
Body width (at dorsal-fin origin)	6.9
Body width (at anal-fin origin)	5.8
Body depth	11.3
Caudal-peduncle length	19.3
Caudal-peduncle depth	9.1
Pre-dorsal-fin length	56.6
Pre-pelvic-fin length	59.4
Pre-anal-fin length	72.6
Pre-anus length	70.8
Dorsal-fin length	9.2
Pectoral-fin length	15.4
Anal-fin length	13.9
Pelvic-fin length	8.7
Caudal-fin length	18.3
Snout length	6.8
As % HL	
Eye diameter	12.9
Interorbital width	16.4
Rostral barbal length	31.6
Maxillary barbal length	29.2
Mandibular barbal length	29.2

## 考 察

三方湖に流入する水路から得られた Type I の mtDNA を持つ個体 (KUN-P 60032) は、核 DNA を対象とした PCR-RFLP 分析のバンドパターンが Okada et al. (2017) における *Misgurnus* sp. Type I のバンドパターンと一致したことから、総脊椎骨数が 49 であることから、Okada et al. (2017) にしたがって *Misgurnus* sp. Type I と同定された。*Misgurnus* sp. Type I の形態について Okada et al. (2017) は、中池見湿地産の *M. anguillicaudatus* と *Misgurnus* sp. Type I の骨質盤の形態と総脊椎骨数の比較を行い、前者では 2 種間に有意差をに差異が認められなかったが、後者については認められたことを報告した。今回新たに 1 個体の *Misgurnus* sp. Type I に基づき、本種と *M. anguillicaudatus* の形態的な差異を検討したが、総脊椎骨数以外の形態形質で 2 種の差異は認められなかった。今後、2 種の形態的差異をより詳細に検討するためには標本の採集地点数と個体数を増やす必要がある。

在来分布であるかは定かでないが、*Misgurnus* sp. Type I の mtDNA 型はサハリン、北海道、本州の東北、関東および北陸地方から報告されており、福井県嶺南地方の中池見湿地が位置する筈の川水系が日本海側の分布の西限となっていた (Morishima et al., 2008; 小出水ほか, 2009; Perdices et al., 2012; Okada et al., 2017)。本報告により分布が明らかになった三方湖に流入する水路に生息する *Misgurnus* sp. Type I が在来分布であるかについては、今後 DNA の塩基配列の分析を含めた系統地理学的な解析を行い検討する必要がある。福井県の淡水魚類相は嶺北地方と嶺南地方で異なり、嶺南地方は西日本の淡水魚類相の周縁的な特徴を持つ (松宮ほか, 2001)。本報告によって、東日本を中心に分布していると考えられている *Misgurnus* sp. Type I (Morishima et al., 2008; 小出水ほか, 2009; Kitagawa et al., 2011; Okada et al., 2017) が西日本の淡水魚類相を有する嶺南地方の複数の水系に分布していることが明らかになった。このことから、もし嶺南地方が本種の在来分布域であれば、より西側の水系にも本種が分布している可能性がある。

筈の川水系における *Misgurnus* sp. Type I の分布は、中池見湿地と筈の川源流部に位置する池河内湿原といった良質な環境を有する湿地帯とその周辺のみ分布が限定されている (Okada et al., 2017; 岡田, 未発表データ)。本報告において *Misgurnus* sp. Type I が採集された三方湖に流入する水路は上流部に大規模な低湿地帯を有することから、今回得られた個体は上流部の湿地帯からの流下個体である可能性もある。

## 謝 辞

本稿を取りまとめるにあたり、国松翔太氏 (京都大学大学院理学研究科) および山口達成氏 (丹波篠山市) には

標本の採集および、文献の収集にご協力いただいた。近畿大学農学部環境管理学科水圏生態学研究室の皆様には標本の作製や登録にご協力いただいた。ここに記して感謝の意を表する。

## 引用文献

- Asahida, T., T. Kobayashi, K. Saitoh and I. Nakayama. 1996. Tissue preservation and total DNA extraction from fish stored at ambient temperature using buffers containing high concentration of urea. *Fisheries Science*, 62: 727–730. ([https://www.jstage.jst.go.jp/article/fishsci1994/62/5/62\\_5\\_727/\\_article](https://www.jstage.jst.go.jp/article/fishsci1994/62/5/62_5_727/_article))
- Fujimoto, T., A. Yamada, Y. Kodo, K. Nakaya, M. Okubu-Murata, T. Saito, K. Ninomiya, M. Inaba, M. Kuroda, K. Arai and M. Murakami. 2017. Development of nuclear DNA markers to characterize genetically diverse groups of *Misgurnus anguillicaudatus* and its closely related species. *Fisheries Science*, 83: 743–756. (<https://link.springer.com/article/10.1007/s12562-017-1108-y>)
- 細谷和海. 2013. ドジョウ科, pp. 328–334, 1819–1822. 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.
- 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*, 77: 7–16. ([https://www.jstage.jst.go.jp/article/jsidre/77/1/77\\_1\\_7/\\_pdf/-char/ja](https://www.jstage.jst.go.jp/article/jsidre/77/1/77_1_7/_pdf/-char/ja))
- Kitagawa, T., Y. Fujii and N. Koizumi. 2011. Origin of the two major distinct mtDNA clades of the Japanese population of the oriental weather loach *Misgurnus anguillicaudatus* (Teleostei: Cobitidae). *Folia Zoologica*, 60: 340–346. (<https://bioone.org/journals/fovia-zoologica/volume-60/issue-4/fozo.v60.i4.a12.2011/Origin-of-the-two-major-distinct-mtDNA-clades-of-the/10.25225/fozo.v60.i4.a12.2011.full>)
- Kottelat, M. 1984. Revision of Indonesian and Malaysian loaches of the subfamily Noemacheilinae. *Japanese journal of Ichthyology*, 31: 225–260. ([https://www.jstage.jst.go.jp/article/jji1950/31/3/31\\_3\\_225/\\_article](https://www.jstage.jst.go.jp/article/jji1950/31/3/31_3_225/_article))
- Kottelat, M. and J. Freyhof. 2007. Handbook of European freshwater fishes. Publications Kottelat, Cornol and Freyhof, Berlin. 646 pp.
- 松宮由太佳・渡辺勝敏・井口恵一朗・岩田祐士・山本軍次・西田 陸. 2001. 福井県嶺南地方を流れる南川水系の淡水魚類. *魚類学雑誌*, 48: 93–107. ([https://www.jstage.jst.go.jp/article/jji1950/48/2/48\\_2\\_93/\\_article/-char/ja/](https://www.jstage.jst.go.jp/article/jji1950/48/2/48_2_93/_article/-char/ja/))
- Morishima, K., Y. Nakamura-Shiokawa, E. Bando, Y. J. Li, A. Boroń, M. M. R. Khan and K. Arai. 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.
- 中島 淳・内山りゅう. 2017. 日本のドジョウ 形態・生態・文化と図鑑. 文一総合出版, 東京. 223 pp.
- Okada, R., T. Inui, Y. Iguchi, T. Kitagawa, K. Takata and T. Kitagawa. 2017. Molecular and morphological analyses revealed a cryptic species of dojo loach *Misgurnus anguillicaudatus* (Cypriniformes: Cobitidae) in Japan. *Journal of Fish Biology*, 91: 989–996.
- Perdices, A., V. Vasil'ev and E. Vasil'eva. 2012. Molecular phylogeny and intraspecific structure of loaches (genera *Cobitis* and *Misgurnus*) from the Far East region of Russia and some conclusions on their systematics. *Ichthyological Research*, doi: 10.1007/s10228-011-0259-6 (Dec. 2012), 59: 113–123 (Apr. 2021).
- 齊藤憲治. 1989. ドジョウ, pp. 382–385. 川那部浩哉・水野信彦 (編・監修) 山溪カラー名鑑日本の淡水魚. 山と溪谷社, 東京.
- 鈴木 栄・村井貴史・中坊徹次. 1994. ドジョウ, pp. 92–93. 落合明 (編) 魚類解剖大図鑑 (解説編). 緑書房, 東京.
- Yamada, A., Y. Kodo, M. Murakami, M. Kuroda, T. Aoki, T. Fujimoto and K. Arai. 2015. Hybrid origin of gynogenetic clones and the introgression of their mitochondrial genome into sexual diploids through meiotic hybridogenesis in the loach, *Misgurnus anguillicaudatus*. *Journal of Experimental Zoology*, 323: 593–606.