

原著論文

ミトコンドリア DNA の遺伝解析にもとづく
金目川水系におけるドジョウ属の生息状況

油井琉星・越川 龍・柴田祐輔・野田悠太・長谷部勇太・北野 忠

Ryusei Yui, Ryu W. A. Koshikawa, Yusuke Shibata, Yuta Noda, Yuta Hasebe, and
Tadashi Kitano: mtDNA-based analysis of the genus *Misgurnus* distribution in the
Kaname-gawa River System, Kanagawa Prefecture, Japan

Abstract: We collected 35 specimens of dojo loach species of the genus *Misgurnus* (Cypriniformes; Cobitidae) from Kaname-gawa River systems, located in western Kanagawa Prefecture, Japan, and conducted genetic analyses targeting the mitochondrial 16S rRNA region. As a result, we identified two *M. dabryanus* individuals (Sauvage, 1878), four individuals of Japanese lineages of *M. anguillicaudatus* (Cantor, 1842), 18 individuals of Chinese lineages of *M. anguillicaudatus* and 11 individuals of *Misgurnus* sp. (Clade A) sensu Nakajima and Nakayama, 2017. No sampling sites were composed exclusively of Japanese lineages of *M. anguillicaudatus*; instead, Chinese lineages appear to have expanded their distribution within these river systems. We were also able to confirm a new location of *M. sp.* (Clade A) which, based on specimen records, represents the second known habitat of this species in Kanagawa Prefecture.

緒言

コイ目ドジョウ科に属するドジョウ属 *Misgurnus* 魚類においては、中国大陸中南部が原産の国外外来種であるカラドジョウ *M. dabryanus* (Sauvage, 1878) を除くと、国内においてはドジョウ *M. anguillicaudatus* (Cantor, 1842) のみが分布すると考えられてきた (澤田, 1988)。しかし形態的・遺伝学的特徴から、これらには大きく分けて3系統 (Clade A, Clade B-1, Clade B-2) が存在し、Clade A および Clade B-1 は在来系統、Clade B-2 は中国系統の外来であると考えられている (小出水ほか, 2009; 清水・高木, 2010; 向井ほか, 2011)。さらに、2011年には沖縄県沖縄島および西表島からそれぞれ異なる系統が報告され、暫定的に *M. sp.* OK と *M. sp.* IR とされた (清水ほか, 2011)。

これらのうち、Clade A は *M. sp.* (Clade A) としてキタドジョウ、*M. sp.* OK はヒヨウモンドジョウ、*M. sp.* IR にはシノビドジョウとして和名が提唱され (中島・内山, 2017)、さらにシノビドジョウについては奄美群島で採集された個体を基に、2022年に *M. amamianus* Nakajima & Hashiguchi, 2022 として新種記載された (Nakajima & Hashiguchi, 2022)。

なお、狭義のドジョウにおいては、関東地方や大阪・佐渡平野の一部、長野県千曲川上中流域など、国内各地において中国系統の外来個体の拡散および在来系統との交雑化が起きている (松井・中島, 2020; 中島, 2020; 熊川ほか, 2025 など)。

神奈川県でも中国系統の外来ドジョウへの置き換わりが生じており、環境 DNA による県内各地での調査においても多くの地点で中国系統の外来ドジョウの DNA が検出される一方で、在来系統のみが検出される地点が存在せず、置き換わりが生じていることが明らかになってきている (神奈川県環境科学センター, 2023; 横浜市環境科学研究所, 2024)。また、環境 DNA によるキタドジョウの存在が示唆されており、実際に、近年になって横浜市の境川水系いたち川でキタドジョウ関東集団が確認された (神奈川県環境科学センター, 2023; 横浜市環境科学研究所, 2024)。

このように、県内におけるドジョウ属の分布状況を明らかにするには、形態的特徴によって判別が比較的容易なカラドジョウのほか、在来系統のドジョウ、中国系統の外来ドジョウ、キタドジョウを区別したうえで、各地の情報の蓄積が必要である。ただし、これらは形態的な特徴によってある程度同定は可能であるものの、数値的判定においても重複する場合があることから、遺伝解析による判別が望ましいとされている (熊川ほか, 2025)。

そこで筆者らは、神奈川県西部を流れる金目川水系においてドジョウ属魚類を採捕し、ミトコンドリア DNA にもとづく遺伝解析を実施した。その結果、金目川水系においても中国系統の外来ドジョウが広く分布している一方で、在来系統のドジョウのみの個体群が形成されている地点が確認できなかったこと、また、標本にもとづく

く県内2地点目となるキタドジョウの生息を確認したことから、それらの生息状況について報告する。

材料と方法

【魚体の確保】

2024年5月から2025年7月にかけて、金目川水系の河川および周辺の水田域において(図1)、たも網によりドジョウ属計35個体を採捕した。

外部形態を撮影後、写真から体長を計測するとともに、標本の右体側の胸鰭を生鮮時に切除して99.5%エタノールにて保存した。その他の魚体については10%ホルマリンにて固定・保存し、神奈川県立生命の星・地球博物館のコレクションとして登録した(表1;登録番号KPM-NI93166-93200)。

【DNA シーケンス】

DNAの抽出は次の手順により実施した。個体から採取した胸鰭の一部を1.5mLチューブ(エッペンドルフ)に入れ、BufferATL(QIAGEN)180μLとプロテナーゼK(関東化学)20μLの混合液に浸漬し、56℃にて1時間インキュベートした。組織が溶解したことを確認し、磁気ビーズ式の自動DNA抽出装置(ACTRA Flex)を用いて精製した。

得られたDNA抽出液については次世代シーケンサーで分析するために2段階PCRによるライブラリー調整を行った。プライマーはTakenaka *et al.* (2023)のAQdb-16Sを用いた。このプライマーは原著論文では昆虫用に開発されたものとされているが、公共のDNAデータベース上のDNA配列とプライマー配列とのミスマッチを確認の上、脊椎動物に対してもPCR増幅可能と判断し、本報告で使用した。ライブラリー調整の具体的な手順は以下の通り実施した。

1st PCRは、10μMプライマー各0.2μL、dNTPs(それぞれ2mM)2μL、DNAテンプレートDNA1μL、PCR Buffer for KOD FX Neo 5μLの及び0.2μLのKOD FX Neo(1.0U/ul)(TOYOBO, Osaka, Japan)で構成される最終容量10μLで行った。PCR条件は98℃2分の初期変性の後、98℃10秒、51℃30秒、68℃30秒の30サイクル、68℃7分の最終伸長とした。

2nd PCRは、5μMのインデックスプライマー各0.5μL、dNTPs(それぞれ2mM)2μL、PCR産物1μL、PCR Buffer for KOD FX Neo 5μLの及び0.2μLのKOD FX Neo(1.0U/ul)で構成される最終容量10μLで行った。PCR条件は98℃2分の初期変性の後、98℃10秒、60℃30秒、68℃30秒の30サイクル、68℃2分の最終伸長とした。PCR産物の精製にはVAHTS DNA Clean Beads(Vazyme)をPCR産物と等量用いて精製した。ライブラリー調整後、NextSeq 1000(Illumina, CA, USA)で300bpのペアエンドシーケンスを行った。すべてのシーケンスデータは、日本DNAデータバンク(DDBJ)のSequence Read Archive(DRA、アクセッション番号:PRJDB39261)に登録した。ライブラリー調整と次世代シーケンサーによる分析は株式会社生物技研に委託し、実施した。

次世代シーケンサーから出力されたFASTQファイルを下記の手順により解析し、各サンプルの代表配列を得た。FASTQファイルを使用v11.0.667(Edgar, 2010)を用いてデフォルト設定でマージした。次に、cutPrimers.py v2.0(Kechin *et al.*, 2017)を用いてデフォルト設定で両プライマーの配列を除去した。プライマー除去後の品質フィルタリングとしてUSEARCHを用いて読み取り塩基長が300塩基未満のリードの除去と全塩基の読み取り品質から予測したエラー率(MAXEE)の合計が2.0以上となるリードの除去を行った。その後、Usearchの"fastx_uniques"コマンドを用いて各固有の塩基配列についてリード数を算出した。さらにその後、Usearchの"unnoise3"コマンドを用いてPCRエラーとキメラリードを、 α 値を2のデフォルト設定でチェックし、エラー補正を行った(Edgar, 2016)。また、最小リード数については3以下の配列を削除した。その結果、ZOTU(zero-radius operational taxonomic units)と呼ばれる生物学的配列セットが得られた。最後に、USEARCHを使用して各サンプルのクオリティフィルターされたリードを、生成されたZOTUsデータセットに97%以上の類似度でマッピングし、保持されるリード数を最大化した。

【種および系統の同定】

各サンプルの代表配列は得られたZOTUsの中で最もリード数が多いものとした。代表配列はオンラインBLAST(<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)を用いて相同性解析を実施した。配列一致率98.5%以上かつ最も高い一致率となった配列のアクセッションNo.を取得した。さらに取得したアクセッションNo.を環境省が公開しているMiFishに係る誤同定チェックシートver.1.3(https://www.biodic.go.jp/edna/edna_top.html)(以下、「チェックシート」)を用いて結果を精査した。チェックシートはDDBJに登録

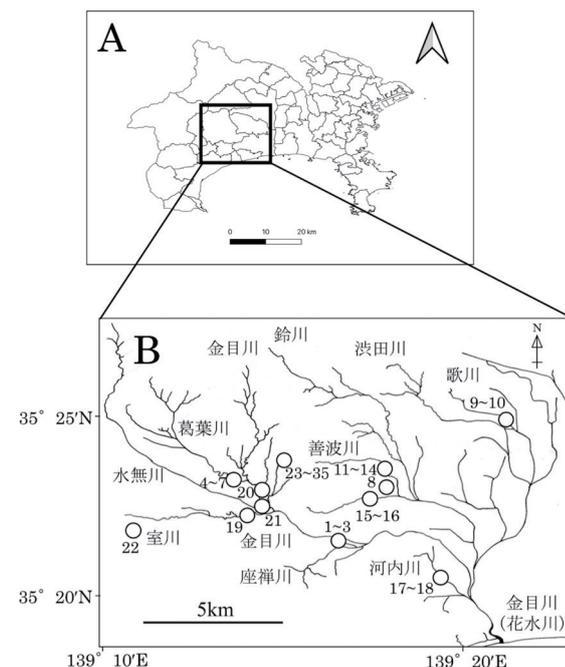


図1. 調査地点の地図。A: 神奈川県における金目川水系の位置(他の水系は省略); B: 調査地点(数字は個体番号を示す)。

表 1. 本研究で用いたドジョウ属魚類の 16S rRNA を用いた遺伝解析結果による判別と産地・採集日および体長

個体番号	資料番号	アクセッション番号	塩基長 (bp)	BLAST の TOPHIT*	遺伝解析結果による判別	水系	環境	採集日**	体長 (mm)
1	KPM-NI 93166	DRR802088	487	LC532167.1	在来系統ドジョウ	金目川	河川	20240508	71.27
2	KPM-NI 93167	DRR802089	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	金目川	河川	20240508	61.39
3	KPM-NI 93168	DRR802090	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	金目川	河川	20240603	95.51
4	KPM-NI 93169	DRR802091	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流葛葉川	河川	20240620	68.04
5	KPM-NI 93170	DRR802092	487	LC532167.1	在来系統ドジョウ	支流葛葉川	河川	20240620	89.53
6	KPM-NI 93171	DRR802093	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流葛葉川	河川	20240620	121.20
7	KPM-NI 93172	DRR802094	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流葛葉川	河川	20240620	94.98
8	KPM-NI 93173	DRR802095	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流鈴川水系大根川	水田わきの水路	20240704	47.67
9	KPM-NI 93174	DRR802096	488	KR349175.1	カラドジョウ	支流鈴川水系大根川	水田わきの水路	20240704	63.34
10	KPM-NI 93175	DRR802097	488	KR349175.1	カラドジョウ	支流鈴川水系大根川	水田わきの水路	20240704	57.76
11	KPM-NI 93176	DRR802098	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流歌川	水田わきの水路	20240704	62.89
12	KPM-NI 93177	DRR802099	487	LC532167.1	在来系統ドジョウ	支流歌川	水田わきの水路	20240704	57.83
13	KPM-NI 93178	DRR802100	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流善波川	河川	20241211	68.06
14	KPM-NI 93179	DRR802101	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流善波川	河川	20241211	60.01
15	KPM-NI 93180	DRR802102	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流善波川	河川	20241211	59.32
16	KPM-NI 93181	DRR802103	487	LC532167.1	在来系統ドジョウ	支流善波川	河川	20241211	87.66
17	KPM-NI 93182	DRR802104	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流鈴川水系大根川	河川	20241211	51.22
18	KPM-NI 93183	DRR802105	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流鈴川水系大根川	河川	20241211	51.67
19	KPM-NI 93184	DRR802106	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流河内川	河川	20241218	53.03
20	KPM-NI 93185	DRR802107	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流河内川	河川	20241218	54.57
21	KPM-NI 93186	DRR802108	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流室川	河川	20241220	39.70
22	KPM-NI 93187	DRR802109	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	金目川	河川	20250522	110.61
23	KPM-NI 93188	DRR802110	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	金目川	河川	20250515	58.17
24	KPM-NI 93189	DRR802111	487	AP017654.1	中国系統外来ドジョウ	支流室川	休耕田	20250605	72.04
25	KPM-NI 93190	DRR802112	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20240530	90.00
26	KPM-NI 93191	DRR802113	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20240530	60.26
27	KPM-NI 93192	DRR802114	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20240530	68.00
28	KPM-NI 93193	DRR802115	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20240530	58.72
29	KPM-NI 93194	DRR802116	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20240530	77.48
30	KPM-NI 93195	DRR802117	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20240530	65.03
31	KPM-NI 93196	DRR802118	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20240530	71.24
32	KPM-NI 93197	DRR802119	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20240530	58.67
33	KPM-NI 93198	DRR802120	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20250522	67.53
34	KPM-NI 93199	DRR802121	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20250703	91.05
35	KPM-NI 93200	DRR802122	488	LC532168.1	キタドジョウ	支流加茂川水系西沢	水田	20250703	56.66

*BLAST の TOPHIT はチェックシートにより精査された結果のみを用いており、複数の TOPHIT があつた場合、それらのうちの一つを表記している；** 採集日の 8 桁は○○○○年○○月○○日を示す (YYYYMMDD 表記)。

されている魚類のうち、二次的自然環境に生息する淡水魚類を DNA 配列から区別するために環境省が淡水魚の専門家の協力を得て作成したものである。アクセッション No. を入力することで専門家によって精査された種名を出力することが可能であり、ドジョウの場合は日本在来系統であるか、外来の系統であるかも判断可能であることからチェックシートから出力された結果を用いた。

次に BLAST 解析の結果の妥当性を確認するため、National Center for Biotechnology Information (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) からドジョウ属の DNA 配列を取得し、

AQdb-16S 域の配列を抽出したうえで、チェックシートによる精査を行い、精査済みのドジョウ属 AQdb-16S 領域 DNA データセットを作成した。作成した DNA データセットと本研究で得られた各サンプルの代表配列を用いてハプロタイプの系統解析を行った。系統解析には MEGA12 (Kumar *et al.*, 2024) を用い、塩基置換モデルの選定にはベイズ情報量規準 (BIC) に基づくモデル選択機能を使用した。得られた最適モデルに基づき、最尤法 (maximum likelihood) による系統樹を構築し、各クレードの支持率は 1,000 回のブートストラップ法によって求めた。

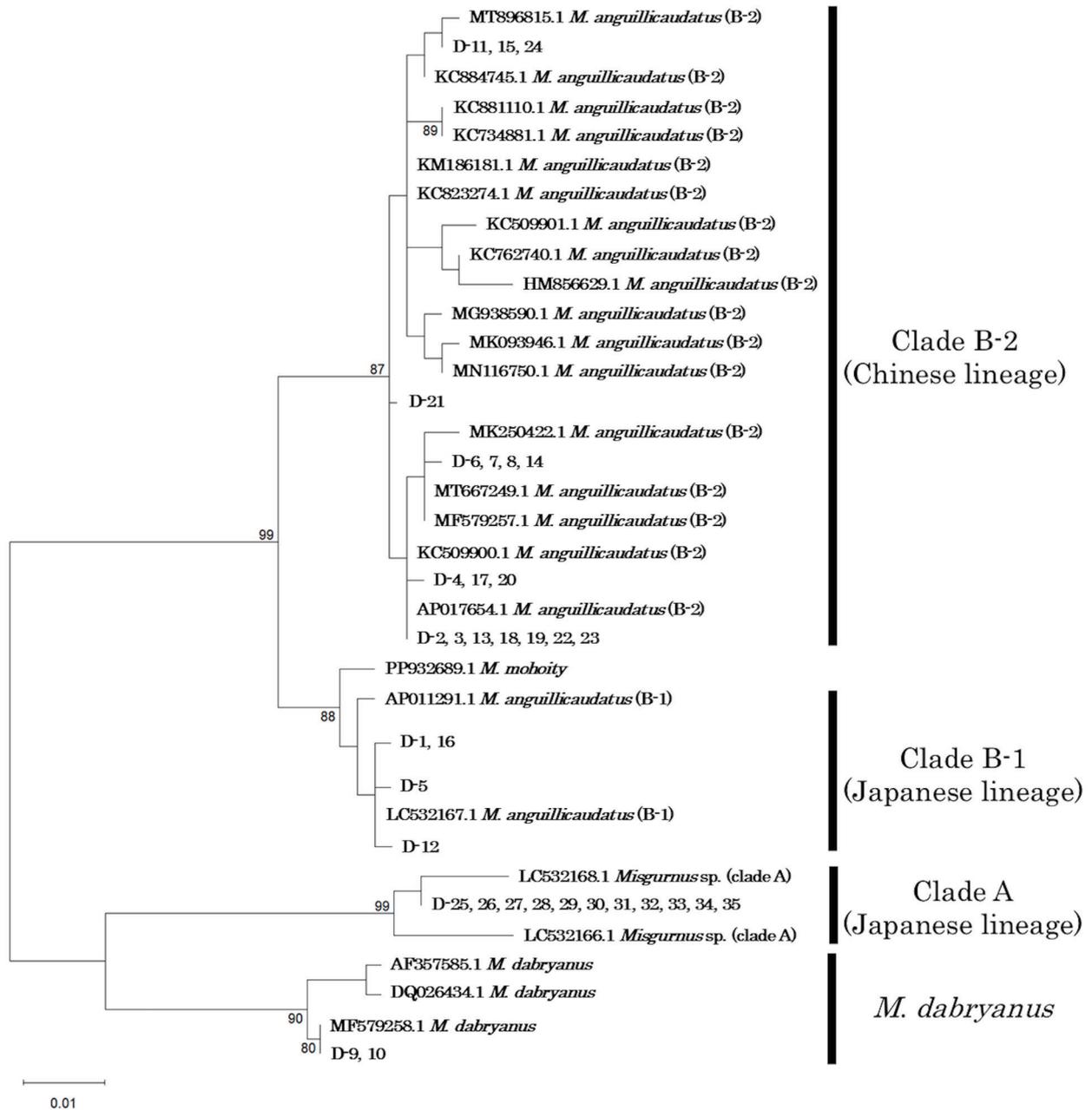


図 2. 供試個体の 16S 領域 (487–488 bp) による系統樹. 図中の「D- ○○」は個体番号を示す. 遺伝的距離は Tamura 3-parameter モデルに従い、進化速度の不均一性 (Gamma distributed) および不変サイト (Invariant sites) を考慮して算出した. 各クレードの支持率は 1,000 回のブートストラップ法によって算出し、支持率が 80 % 以上のもののみ表記.

結果

35 個体から得られた代表配列は 487 bp から 488 bp の長さであり、遺伝解析によって在来系統のドジョウとされた個体は 4 個体、中国系統の外来とされたドジョウは 18 個体、カラドジョウとされた個体は 2 個体であった。また、残る 11 個体はキタドジョウとされた (図 2, 3; 表 1)。

在来系統のドジョウとされた個体は金目川本流の土屋橋、支流である歌川水系の水路のほか、葛葉川・善波川の 12 地点中 4 地点から確認された。一方、中国系統の外来とされた個体は、在来系統とされた個体が確認された 4 地点を含む 12 地点中 11 地点と広域で確認された。

また、カラドジョウは 1 地点のみで確認された。キタドジョウとされた個体は、12 地点中 1 地点の加茂川水系西沢の水田でのみ確認された。この地点では 11 個体の遺伝解析を実施したが、すべてキタドジョウと判別され、他のドジョウ属魚類は確認されなかった (図 4)。

考察

本調査によるミトコンドリア DNA にもとづく遺伝解析において、金目川水系では在来系統のドジョウ、中国系統の外来ドジョウ、キタドジョウ、カラドジョウのいずれもが確認された (図 3)。ただし、在来系統のドジョウが確認された 4 地点すべてにおいて中国系統の外来ド

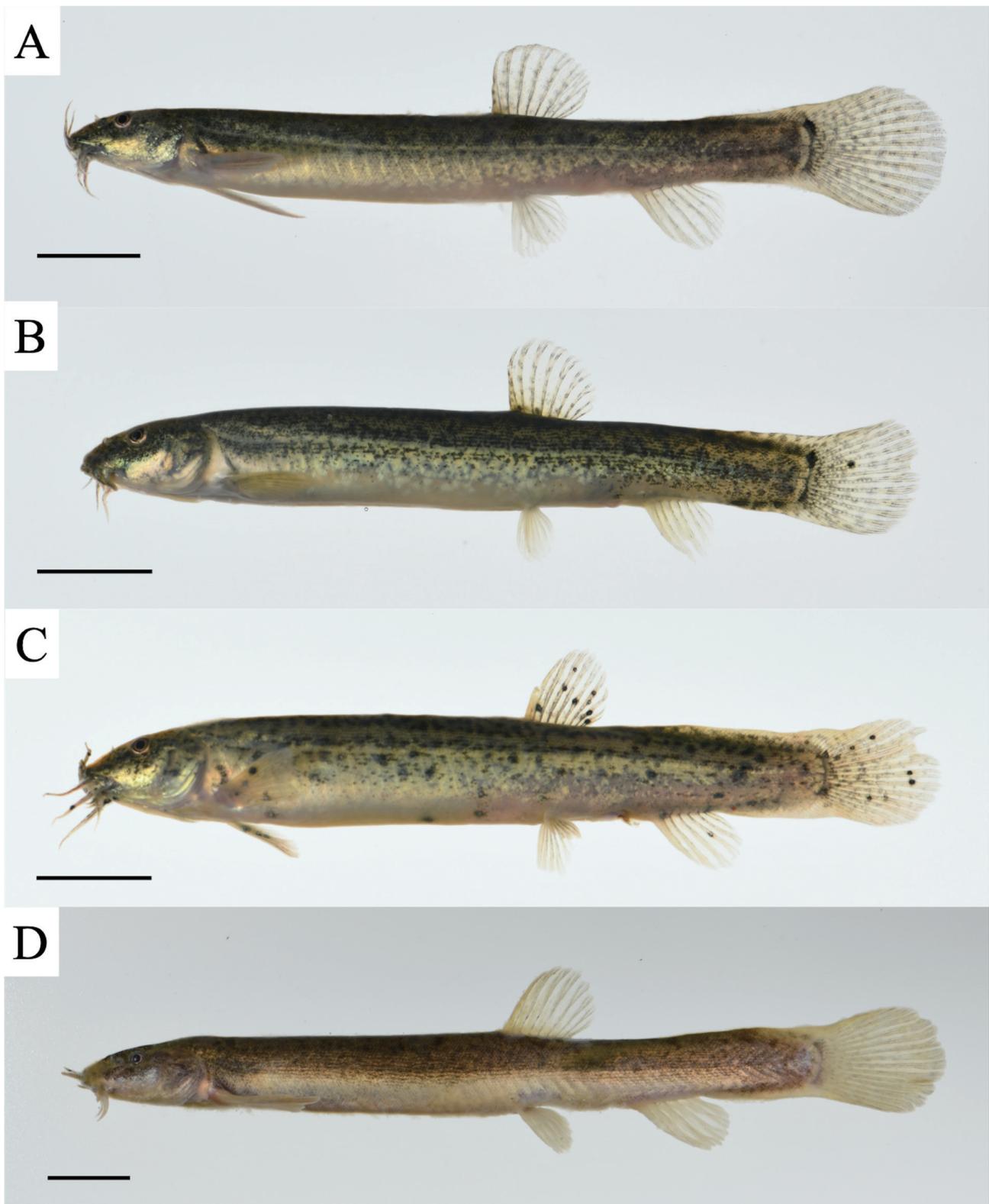


図3. 金目川水系で採集されたドジョウ属魚類。A：遺伝解析により在来系統のドジョウとされた個体 (KPM-NI 93166)；B：遺伝解析により中国系統の外来ドジョウとされた個体 (KPM-NI 93176)；C：遺伝解析によりカラドジョウとされた個体 (KPM-NI 93175)；D：遺伝解析によりキタドジョウとされた個体 (KPM-NI 93190)。バーは 10 mm を示す。

ジョウも確認されており、在来系統のドジョウのみが確認された地点はなかった（図4）。なお、mtDNA は母系遺伝であり、本研究では交雑判定が可能な核DNAによる遺伝解析を実施していないことから、本研究において在来系統のドジョウとされた4個体についても純粋な在

来系統の個体であるのか、中国系統との交雑個体であるのかは、本調査では明らかにできていない。

また、中国系統の外来ドジョウの確認地点数は12地点中11地点と在来系統のドジョウが確認された地点よりも多かった。したがって県内の各地域における環境

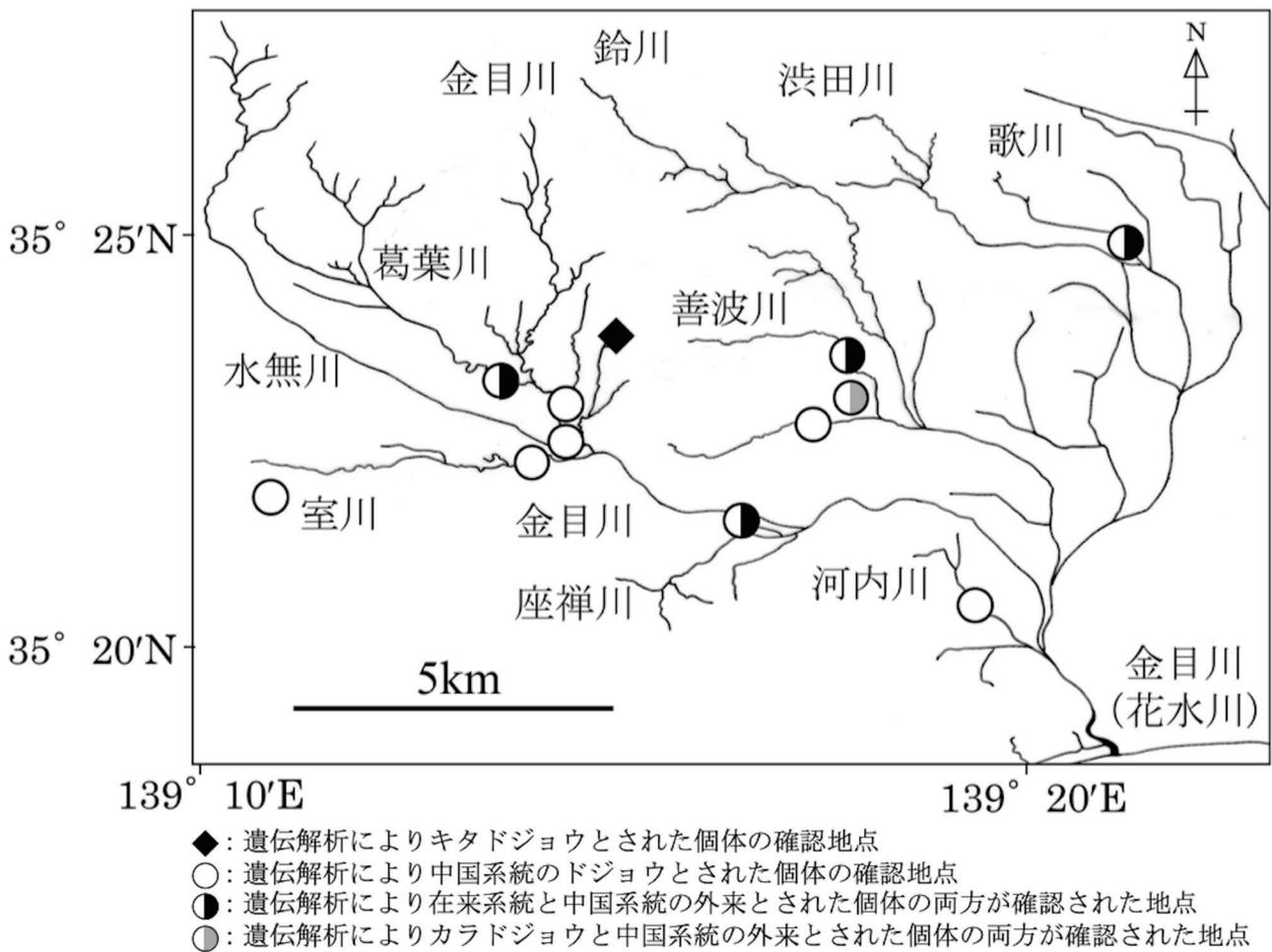


図4. 金目川水系におけるドジョウ属魚類の確認地点.

DNAによる調査で在来系統のドジョウのDNAのみが検出された地点が存在しなかったという結果（神奈川県環境科学センター, 2023）と同様に、金目川水系においても在来系統のドジョウが単独で分布する地点を確認できず、生息状況は極めて危険な状態であると考えられた。一方、中国系統の外來ドジョウは、侵入時期や経路は不明であるが、金目川水系においても広範囲に分布していることが明らかとなった。なお、金目川が流れる平塚市内で2004年に採集された個体を用いた遺伝解析では、現在では在来とされるB-1系統は8個体中1個体であり、7個体がB-2系統であった（Morishima *et al.*, 2008）。このことから、中国系統の外來ドジョウは少なくとも2000年初頭には当地域に侵入していたと考えられる。

一方、加茂川水系西沢の水田で得られた11個体の遺伝解析ではすべてキタドジョウと判別され、他のドジョウ属魚類は確認されなかった。これまで県内での標本をともなったキタドジョウの産地は、横浜市の境川水系たち川のみであることから（横浜市環境科学研究所, 2024）、加茂川水系西沢の水田は県内で2カ所目のキタドジョウの産地であるといえる。また、この地では在来系統・中国系統のドジョウ、カラドジョウを確認できなかったことから、純粋なキタドジョウの貴重な分布域である可能性がある。なお、キタドジョウが確認され

た水田は、現在はNPO法人自然塾丹沢ドン会によって毎年水稲栽培が実施され、棚田の景観が保たれている。この地には、キタドジョウのみならずホトケドジョウ *Lefua echigonia* Jordan & Richardson, 1907 やアカハライモリ *Cynops pyrrhogaster* (Boise, 1826) など、神奈川県においては現在では希少となった水生生物が多く生息している（NPO法人自然塾丹沢ドン会, 2021）。したがってこの会による水田環境の維持・管理は、キタドジョウをはじめとする多くの希少生物の生息場所を提供しているといえる。なお、この地では、調査研究以外の生物の採集や持ち帰りはこの会の方針として原則禁止とされている。加えて、日本魚類学会が提言した淡水魚採集のガイドラインにおいて、勝手に水田の中に入り込んだり、畦畔を破壊したりすることはそこでの生産活動に支障をきたす行為と明言されており（日本魚類学会自然保護委員会, 2006）、自然塾丹沢ドン会の了承がない状況での立ち入りや採集は厳に慎むべきであろう。

謝 辞

本報文を作成するにあたり必要な文献についてご教授いただいた福岡県保健環境研究所の中島 淳博士、採集および撮影、標本作製を手伝っていただいた当時東海大

学教養学部人間環境学科北野研究室の学生諸氏、DNA抽出作業を手伝っていただいた神奈川県環境科学センター調査研究部の鈴木本良氏、神奈川県内のドジョウ属魚類の生息状況に関してご教授いただいたかながわ淡水魚復元研究会会長の勝呂尚之氏、および本調査のために立ち入りを認めてくださったNPO法人自然塾丹沢ドン会にお礼申し上げる。

引用文献

- Edgar, R. C., 2010. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*, **26**(19): 2460–2461.
- Edgar, R. C., 2016. UNOISE2: improved error correction for Illumina 16S and ITS amplicon sequencing. Preprint at bioRxiv. DOI: (<https://doi.org/10.1101/081257>)
- 神奈川県環境科学センター, 2023. 令和5年度河川環境DNA調査プロジェクト調査結果報告書. https://www.pref.kanagawa.jp/documents/99545/chousa_koukai.pdf (accessed on 2025-October-21).
- Kechin, A., U. Boyarskikh, A. Kel & M. Filipenko, 2017. cutPrimers: a new tool for accurate cutting of primers from reads of targeted next generation sequencing. *The Journal of Computational Biology*, (11): 1138–1143.
- 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, 259: 7–16.
- 熊川真二・下山 諒・黒田真道・植木悠登・北野 聡, 2025. 千曲川水系および関川水系のドジョウ集団内における遺伝的攪乱の現状. 長野県水産試験場研究報告, (24): 5–17.
- Kumar, S., G. Stecher, M. Suleski, M. Sanderford, S. Sharma & K. Tamura, 2024. MEGA12: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular Biology and Evolution*, (41): 1–9. (DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msae263>)
- 中島 淳, 2020. ドジョウの実態とその保全. 農業および園芸, **95**(2): 113–122.
- Nakajima, J & Y. Hashiguchi, 2022. A new species of the genus *Misgurnus* (Cypriniformes, Cobitidae) from Ryukyu Islands, Japan. *Zootaxa*, **5162**(2): 525–540.
- 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. 224 pp. 山と溪谷社, 東京.
- 日本魚類学会自然保護委員会, 2006. モラルある淡水魚採集について. <https://www.fish-isj.jp/message/guideline/moral/> (accessed on 2026-January-12).
- NPO 法人自然塾丹沢ドン会, 2021. 丹沢山ろく名古屋棚田の生き物図鑑. 197 pp. 夢工房, 秦野.
- 松井彰子・中島 淳, 2020. 大阪府におけるドジョウの在来および外来系統の分布と形態的特徴にもとづく系統判別の検討. 大阪市立自然史博物館研究報告, (74): 1–15.
- Morishima, K., Y. N. Shiokawa, E. Bando, Y. J. Li, A. Boron, Md. M. R. Khan, & 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.
- 向井貴彦・梅村啓太郎・高木雅紀, 2011. 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. 日本生物地理学会会報, **66**: 85–92.
- 清水孝昭・鈴木寿之・高木基裕・大迫尚晴, 2011. 沖縄島と西表島より得られたドジョウの形態的・遺伝的特徴. 日本生物地理学会会報, **66**: 141–153.
- 清水孝明・高木基裕, 2010. 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. 魚類学雑誌, **57**(1): 13–26.
- 澤田幸雄, 1988. 日本産魚類大図鑑. 益田 一・尼岡邦夫・荒賀忠一・上野輝彌・吉野哲夫編, ドジョウ, pp. 58. 東海大学出版会, 東京.
- Takenaka, M., K. Yano, T. Suzuki & K. Tojo, 2023. Development of novel PCR primer sets for DNA barcoding of aquatic insects, and the discovery of some cryptic species. *Limnology*, **24**: 121–136.
- 横浜市環境科学研究所, 2024. 横浜の川と海の生物 (第16報・河川編). https://www.city.yokohama.lg.jp/kurashi/machizukuri-kankyo/kankyohozen/kansoku/science/shiryo/kawatoumi/kawaumi16kasen.files/0016_20240823.pdf (accessed on 2025-October-21).
-
- 油井琉星・柴田祐輔: 東海大学大学院人間環境学研究所;
越川 龍・野田悠太・北野 忠: 東海大学教養学部;
長谷部勇太: 神奈川県環境科学センター
(受領 2025 年 10 月 31 日; 受理 2026 年 1 月 28 日)