

ミトコンドリア DNA に基づく九州北部および壱岐・対馬から採集された
クサガメ *Mauremys reevesii* の遺伝的特徴Genetic characteristics of *Mauremys reevesii* collected from northern-central Kyushu, Iki, and
Tsushima islands, Japan, based on mitochondrial DNA sequences中島 淳¹・橋口康之^{2*}・田中智佳子²・渡邊耕平²Jun Nakajima¹, Yasuyuki Hashiguchi^{2*}, Chikako Tanaka², Kohei Watanabe²¹福岡県保健環境研究所, 福岡県太宰府市向佐野39²大阪医科薬科大学 医学部 生物学教室, 大阪府高槻市大学町2-7¹Fukuoka Institute of Health and Environmental Sciences, Mukaizano 39, Dazaifu, Fukuoka 818-0135, Japan.²Department of Biology, Faculty of Medicine, Osaka Medical and Pharmaceutical University, Daigakumachi 2-7, Takatsuki, Osaka 569-8686, Japan.

*Corresponding author, e-mail: yasuyuki.hashiguchi@ompu.ac.jp, Tel: +81-72-683-1221.

Abstract

To evaluate the genetic characteristics of the Reeve's pond turtle (*Mauremys reevesii*) in Kyushu and adjacent islands, mitochondrial DNA (mtDNA) control region of five individuals from northern Kyushu (Fukuoka and Kumamoto-Amakusa) and one from each of Iki and Tsushima Islands in this species was sequenced. Phylogenetic analysis of mtDNA haplotypes revealed that 5 of the 7 individuals belonged to Group A. The remaining two individuals belonged to Group B, which was clearly considered to be a non-native lineage. One individual of Tsushima Island, which is close to the Korean Peninsula, belonged to Group A, suggesting that the Tsushima population of *M. reevesii* is native. Considering the close biogeographical relationship between northern Kyushu and the Korean Peninsula, it also cannot be ruled out the possibility that the Group A individuals in Kyushu are native. To determine the relevant conservation strategy of *M. reevesii* in north Kyushu and adjacent islands, a more detailed analysis of the genetic structure of this species is required.

Key words: Testudines; Geoemydidae; Chinese pond turtle; control region; DNA barcoding; conservation; alien species

緒言

クサガメ *Mauremys reevesii* は国内では本州、四国、九州及び周辺離島、国外では朝鮮半島、中国東部～南部、台湾にかけて広く分布するカメ目イシガメ科の一種である (松橋・富田 2007; 日本爬虫両棲類学会2021)。本種は日本列島に広く分布しているため、長く在来種として扱われてきた。近年のミトコンドリアDNA (mtDNA) 調節領域やcytochrome *b* 遺伝子領域を用いた分子系統地理学的な研究の結果、本種には遺伝的に分化したA、B、Cの3系統が認められている (Suzuki et al. 2011)。日本に分布するクサガメの詳細な遺伝的集団構造の解析 (Suzuki et al.

2011) によると、A系統は日本国内に広く分布しており、そのハプロタイプは朝鮮半島の個体とほぼ同一である。B系統は九州と東日本におもに分布し、そのハプロタイプは中国大陸産の個体と一致する。C系統は石川県で見つかっており、こちらもハプロタイプは中国大陸産の個体とほぼ一致する。また日本国内のクサガメ集団は朝鮮半島や中国大陸の集団との遺伝的差異がほとんどないこと、地理的にまとまった遺伝的集団構造が認められないことが明らかにされている (Suzuki et al. 2011; Oh et al. 2017; 鈴木 2020; 鈴木 2024)。加えて、日本国内では本種の化石が未発見であること (平山 2006)、1500年代以前

の遺跡からの確実な出土記録がないこと（高橋 2015; Takahashi et al. 2019）、江戸時代中期以前の文献上の確実な記録がないことも報告されている（後藤 2020）。これらのことから、日本列島におけるクサガメ集団は、朝鮮半島（A系統）や中国大陸（B、C系統）から人為的に持ち込まれ、1700年代末の江戸時代後期頃に定着した外来種であると現在では考えられている（足田・鈴木 2010; 鈴木 2020; 日本爬虫両棲類学会2021; 鈴木 2024）。

一方、九州北部およびその周辺離島のクサガメ個体群については詳細な系統地理学的研究はなされておらず、前述のSuzuki et al. (2011) では熊本県の1産地における個体群が分析されているのみである。また、対馬産のクサガメについては在来の可能性があること（鈴木 2019）、国内に未知の在来集団が存在する可能性があること（高橋 2023）も指摘されている。九州北部地域は魚類や甲殻類、貝類などその水生動物相において中国大陸や朝鮮半島との高い共通性が知られており（中島 2018; 佐藤 2000）、さらに対馬は九州本土とは異なり朝鮮半島と共通する特異な生物相を有する（長崎県生物学会 1976）。このことから、九州北部地域におけるクサガメ集団の外来性の検討は、国内他地域と比べてもより慎重に行う必要がある。近年、クサガメが在来の絶滅危惧種であるニホンイシガメ *Mauremys japonica* と交雑していることが明らかにされ（Suzuki et al. 2014; 鈴木 2015; 小賀野・小林 2022; Ueno et al. 2022; 鈴木 2024）、遺伝的攪乱によるニホンイシガメ個体群への悪影響も懸念されることから、地域によっては侵略的外来種としてクサガメを防除する必要があることも指摘されている（鈴木 2012）。しかしながら、九州におけるクサガメ個体群の外来性を判断する科学的知見は明らかに不足している。

そこで本研究では、九州に分布するクサガメの遺伝的特徴を把握するため、九州北部（福岡県、熊本県天草）のクサガメ 5 個体と、壱岐島、対馬のクサガメ各 1 個体の合計 7 個体について、mtDNA 調節領域の塩基配列を決定し、既知の日

本産クサガメの配列との比較を行ったので報告する。

材料および方法

標本の採集

2017年8月28日から2019年10月6日の間に、九州（福岡県4箇所、熊本県1箇所）、長崎県対馬、長崎県壱岐島（Fig. 1a, Table 1）からクサガメを各1個体、合計7個体を得た。採集地点において尾部の先端の皮膚組織を5mmほど切断・採取し、100%エタノールに浸潤して保管した。組織を採取したクサガメ個体は、生きたまま採集地点に戻した。各個体の体長等のデータ

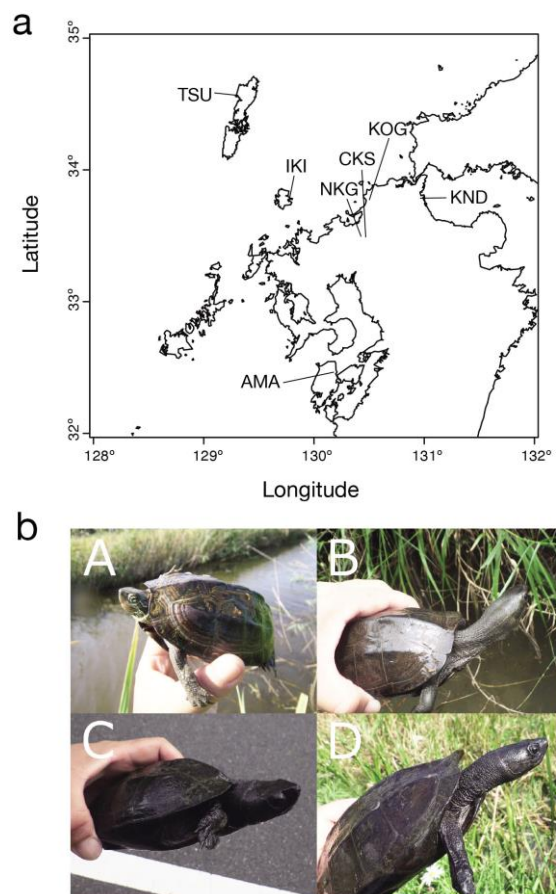


Fig. 1. (a) Map showing collection localities of seven Reeve's pond turtles used in this study. Sample IDs are shown in Table 1. See Table 1 for detailed information in localities. (b) Photographs of the Reeve's pond turtle individuals used in this study. A: Tanohama, Tsushima City, Nagasaki Prefecture (TSU), B: Hatahoko River, Iki City, Nagasaki Prefecture (IKI), C: Tomihisa, Kandamachi Town, Fukuoka Prefecture (KND), D: Saitsu, Amakusa City, Kumamoto Prefecture (AMA).

Table 1. Collection location and date of seven Reeve's pond turtles used in this study. See Fig. 1 for collection localities.

Locality No.	Sample ID	Collection location	Date
1	TSU	Tanohama, Tsushima City, Nagasaki Prefecture	2017/8/28
2	NKG	Naka River, Nakagawa City, Fukuoka Prefecture	2019/6/27
3	CKS	Musashi, Chikushino City, Fukuoka Prefecture	2019/7/23
4	IKI	Hatahoko River, Iki City, Nagasaki Prefecture	2019/8/18
5	KOG	Chidorigaike Pond, Koga City, Fukuoka Prefecture	2019/8/21
6	KND	Tomihisa, Kanda Town, Fukuoka Prefecture	2019/8/22
7	AMA	Saitsu, Amakusa City, Kumamoto Prefecture	2019/10/6

は計測していない。また、各採集地点で写真撮影を行なった4個体については、それらの画像を Fig. 1b に示す。

ミトコンドリア DNA 調節領域の塩基配列決定

採取した組織からゲノム DNA を抽出した。DNA の抽出には PureLink® Genomic DNA Mini Kit (ThermoFisher Scientific) を使用した。DNA は 100 uL の TE バッファーに溶出し、PCR 反応を行うまで -20°C で保管した。クサガメのゲノム DNA を鋳型にした PCR により、mtDNA 調節領域 (CR) の部分塩基配列 (713 bp) を増幅した。PCR に使用したプライマーの塩基配列は、MauremysD-loop-F (5'-TCTCCCGTGCCCAACA GAGAAATGTC-3') および MauremysD-loop-R (5'-GTTGCTCTCGGATTTAGGGGTTTGACG-3') (Suzuki et al. 2011) である。PCR 反応には KOD DNA polymerase (TOYOBO) を使用した。PCR 条件は、94°C 10 秒、58°C 5 秒、68°C 10 秒を1回のサイクルとして、これを 30 サイクル繰り返した。その後、68°C で2分間の伸長反応を行った。各個体の PCR 増幅産物を AMPure XP (ベックマン・コールター株式会社) により精製したのち、PCR に使用したものと同一プライマーを用いて BigDye v.3.1 (ThermoFisher Scientific) による cycle sequencing 反応を行い、ABI 3500 genetic analyzer (ThermoFisher Scientific) を用いて塩基配列を決定した。本研究で決定した塩基配列データは、日本 DNA データバンク (DDBJ) に登録した (Accession nos. LC815090–LC815096)。

系統解析

得られた7個体の CR の塩基配列および Suzuki et al. (2011) で報告されているグループ A、グループ B およびグループ C の合計 15 ハプロタイプの塩基配列をもとに系統解析を行った。これらの塩基配列に、ニホンイシガメ 1 個体の塩基配列 (DDBJ Accession no. AB559485) を外群として加え、MAFFT v7.510 (Kato and Standley 2013) により塩基配列の多重アラインメントを行った。近隣結合法による系統樹を MEGA 11 (Tamura et al. 2021) により作成した。また、系統樹の各ノードの信頼性を 1,000 回のブートストラップ法により評価した。

ハプロタイプネットワーク解析

本研究で配列を決定した7個体と Suzuki et al. (2011) で報告された 134 個体のクサガメ CR の塩基配列を用いて、Minimum spanning network を PopART (Leigh and Bryant 2015) により作成した。

結果

本研究で採集した7個体について CR の 713 bp を決定した。それらの塩基配列および Suzuki et al. (2011) で報告されている塩基配列をもとに作成した系統樹を Fig. 2 に、ハプロタイプネットワークを Fig. 3 に示す。なお Fig. 2 および Fig. 3 に示されたハプロタイプ ID は、Suzuki et al. (2011) において CR および cytochrome *b* 遺伝子を組み合わせた配列から定義されたものである。そのため、CR のみの配列では、同一配列が異なるハプロタイプ ID を持つ場合があることに留意されたい。

Fig. 2. A neighbor-joining tree of the nucleotide sequences of mtDNA control region (CR) in the Reeve's pond turtle. Haplotypes of the 7 individuals used in this study are shown in bold. Eleven CR haplotypes identified by Suzuki et al. (2011) are shown by haplotype IDs and accession numbers. In some cases, identical sequence may have different haplotype IDs, since the haplotype IDs have been defined by CR + cytochrome *b* (*cytb*) sequences in Suzuki et al. (2011). Pairwise evolutionary distances between each pair of sequences were calculated based on Kimura's 2-parameter model. Numbers in each tree node indicate the bootstrap probability with 1,000 replicates (shown in major clades only).

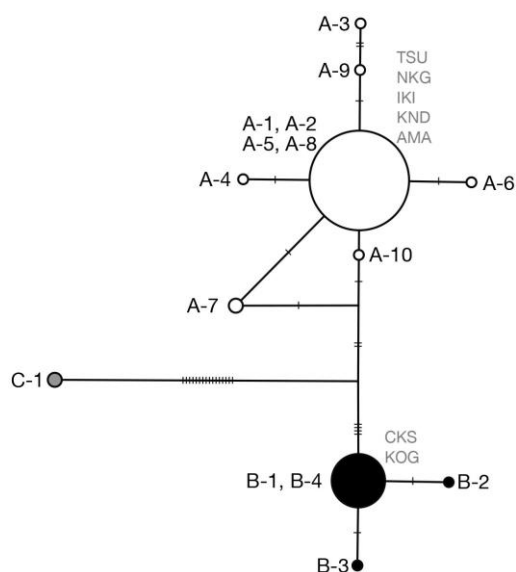
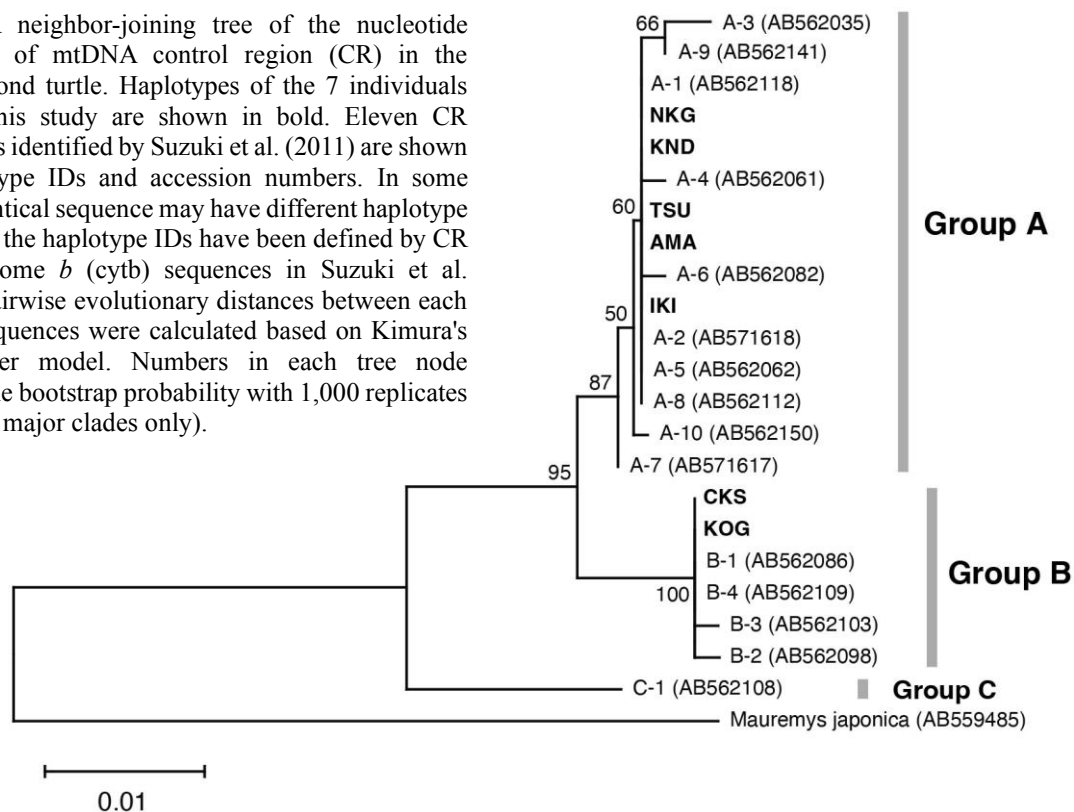


Fig. 3. A minimum spanning network of the haplotypes of mtDNA control region in Reeve's pond turtle. Haplotypes of groups A, B, and C are indicated by white, black, and gray, respectively. The size of the circles reflects the number of individuals. The possible haplotype IDs are shown beside the circles. The short, thin lines crossed by the lines connecting each haplotype indicate the number of nucleotide substitutions between haplotypes (one line corresponds to one base substitution).

具体的には、ハプロタイプ A-1、A-2、A-5、A-8 は、CR では同一配列となる。同様に、ハプロタイプ B-1、B-4 も、CR では同一配列となる。今回解析した個体において検出されたCRのハプロタイプは、Suzuki et al. (2011) が示した3系統のうちグループ A が5個体、グループ B が2個体であった。グループ A に属する5個体 (sample ID: TSU, NKG, IKI, KND, AMA) は全て同一のハプロタイプで A-1、A-2、A-5、A-8 と同一であった。またグループ B に属する2個体 (sample ID: CKS, KOG) も B-1、B-4 と同一のハプロタイプであった。なお本研究で解析した個体より検出されたCRのハプロタイプは、グループ A、B どちらも、Suzuki et al. (2011) で報告されている各グループで最も出現頻度の高いハプロタイプと一致していた。なお今回解析した個体からはグループ C に属するハプロタイプは検出されなかった。

考察

現在までに知られているクサガメの3グループのうち、グループ A は朝鮮半島の、グループ B は中国大陸の、それぞれ主要な遺伝的集団と考え

られている (Suzuki et al. 2011; 鈴木 2020)。今回分析した 7 個体中、5 個体がグループ A、2 個体がグループ B に属し、朝鮮半島で主要なグループ A に属した個体の方が多かった。

本研究で解析を行なった対馬産の 1 個体は、グループ A に含まれていた。対馬が朝鮮半島と地続きであったのは約 43 万年前と考えられており、その後は地続きとなることはなく、約 10 万年前と約 2 万年前の少なくとも 2 回は細い海峡で隔てられ対馬と朝鮮半島が近接した時期があったと考えられている (小西・吉川 1999; 町田ほか 2001)。一方で、対馬と壱岐島・九州北部は、約 2 万年前の最終氷期には地続きであったと考えられている。そのため、対馬の生物相は基本的に九州と類似するものの、日本国内では対馬にのみ分布するが朝鮮半島に共通して分布する生物も多く知られる。例えば哺乳類ではツシマヤマネコ *Prionailurus bengalensis euptilurus*、爬虫類ではアカマダラ *Lycodon rufozonatus rufozonatus*、ツシマスベトカゲ *Scincella vandenburghi*、アムールカナヘビ *Takydromus amurensis*、昆虫類ではチョウセンケナガニイニイ *Suishia coreana*、ヒメダイコクコガネ *Copris tripartitus*、キンオニクワガタ *Prismognathus dauricus*、ツシマツヤドロムシ *Zaitzevia tsushimaana* などが挙げられる (長崎県生物学会 1976; 日本爬虫両棲類学会 2021; 中島ほか 2020)。このうちツシマスベトカゲについては対馬産と朝鮮半島産で遺伝的な関係性が詳細に調べられており、この両地域で遺伝的な違いがほとんどないことが知られている (Koizumi et al. 2021)。また、ニホンアマガエル *Hyla japonica* は東アジアに広く分布する種であるが、その遺伝的集団構造を調べた研究によれば、対馬産の集団は日本列島の他地域産と異なり朝鮮半島の集団に近縁であることが報告されている (Dufresnes et al. 2016)。クサガメは海域において生きた個体が確認された例もあることから (谷口・亀崎 2017)、約 2 万年前の対馬海峡が狭くなった時期に、対馬と朝鮮半島の間を移動できた可能性もあると考えられる。したがって、今回の分析個体は 1 個体のみで対馬内の遺伝的多型に関しては不明であ

るものの、対馬産クサガメが朝鮮半島にメジャーなグループ A に含まれる遺伝的特徴を有していたことは、鈴木 (2019) が指摘する通り、対馬のクサガメが在来である可能性と矛盾がない。

また、壱岐島、天草、および福岡県の 2 地点で採集した 4 個体もグループ A に含まれた。前述した通り、壱岐島以南の九州本島と対馬では生物相が大きく異なるが、例えばミナミメダカ *Oryzias latipes* では対馬、壱岐島、および九州北部の日本海側に遺伝的に類似した集団が分布することが知られている (Takehana et al. 2003; Katsumura et al. 2019)。また、カスミサンショウウオ *Hynobius nebulosus* では対馬・壱岐島・九州本島 (福岡県・熊本県等) に共通の遺伝的集団の分布が知られている (Matsui et al. 2019)。クサガメは陸水性種ではあるが、陸上を歩行して移動することは可能であり、対馬・壱岐島・九州北部が地続きとなっていた約 2 万年前の最終氷期には対馬から壱岐島、そして九州北部への自力での移動分散も十分に可能であったと考えられる。したがって、今回の結果から壱岐島、天草、福岡県の 2 地点で確認されたグループ A の個体が外来系統であるとただちに結論づけることは困難であろう。

一方、本研究において、福岡県の 2 地点で中国大陸の主要な遺伝的系統であるグループ B に属する個体を初めて確認した。九州北部と中国大陸に共通して広く分布する種は多く知られているが、このうち魚類のヒナモロコ *Aphyocypris chinensis*、アリアケシラウオ *Salanx ariakensis*、ムツゴロウ *Boleophthalmus pectinirostris* については、いずれも九州本島産と中国大陸産において明確な遺伝的分化があることが知られている (Kim et al. 2007; 兼森ほか 2006; Watanabe et al. 2020)。したがって、中国大陸の主要な遺伝的系統とされるグループ B のクサガメが九州本島に自然分布している可能性は低く、今回検出された 2 個体は外来系統の可能性が高いと考えられる。

以上より、九州北部や壱岐島、対馬には在来と考えても矛盾がない遺伝的特徴を有した個体がいること、明らかな自然分布域である中国大陸

や朝鮮半島ではその個体数は減少しており、IUCN レッドリストでは Endangered (EN) カテゴリとされている (IUCN Red List 2011) こと、さらに九州地域ではニホンイシガメとの遺伝的攪乱が生じている情報が国内他地域と比べて少ない (Suzuki et al. 2014; 小賀野・小林 2022) ことなどから、本地域のクサガメ個体群はひとまず駆除対象とはしないことが望ましいと思われる。

今回は調査したサンプル数が少なく、当地域におけるクサガメの在来性について明確な結論を得ることができなかったが、生物多様性保全の方針を決定していく上でその由来は重要な情報となるため、今後はサンプル数を増やしてより詳細な遺伝学的解析を行っていくことが必要である。

謝辞

本研究の一部は、大阪医科薬科大学医学研究支援センター共同研究プロジェクト研究費の支援を受けた。

引用文献

Dufresnes, C., Litvinchuk, S. N., Borzée, A., Jang, Y., Li, J. T., Miura, I., Perrin, N., Stöck, M. (2016). Phylogeography reveals an ancient cryptic radiation in East-Asian tree frogs (*Hyla japonica* group) and complex relationships between continental and island lineages. *BMC Evol. Biol.* 16: 253.

後藤康人 (2020). 歴史資料でたどる江戸時代後期におけるクサガメの諸相. *亀楽* 20: 4–6.

疋田 努・鈴木 大 (2010). 江戸本草書から推定される日本産クサガメの移入. *日本爬虫両棲類学会報* 2010: 41–46.

平山 廉 (2006). 日本産化石カメ類研究の概要. *化石* 80: 47–56.

兼森雄一・竹垣 毅・夏苺 豊 (2006). ミトコンドリア DNA 分析におけるムツゴロウの遺伝的集団構造. *魚類学雑誌* 53: 133–141.

IUCN Red List (2011). <https://www.iucnredlist.org/species/170502/97431862> (accessed on 5 December 2024).

Katoh, K., Standley, D. M. (2013). MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability. *Mol. Biol. Evol.* 30: 772–780.

Katsumura, T., Oda, S., Mitani, H., Oota, H. 2019. Medaka population genome structure and demographic history described via genotyping-by-sequencing. *G3* 9: 217–228.

Kim, J. K., Kai, Y., Nakabo, T. (2007). Genetic diversity of *Salanx ariakensis* (Salamandridae) from Korea and Japan inferred from AFLP. *Ichthyol. Res.* 54: 416–419.

Koizumi, Y., Oh, H. K., Hikida, T. (2021). Genetic Variation of *Scincella vandenburghi* (Squamata; Scincidae) in Tsushima Island and Korea Revealed by Mitochondrial DNA. *Curr. Herpetol.* 40: 83–91.

小西省吾・吉川周作 (1999) トウヨウゾウ・ナウマンゾウの日本列島への移入時期と陸橋形成. *地球科学* 53: 125–134.

Leigh, J. W., Bryant, D. (2015). PopART: Full-feature software for haplotype network construction. *Methods Ecol. Evol.* 6: 1110–1116.

町田 洋・太田陽子・河名俊男・森 脇広・長岡信治 (2001). 日本の地形 7 九州・南西諸島. 三秀社, 東京.

松橋利光・富田京一 (2007). 山溪ハンディ図鑑 10 日本のカメ・ヘビ・トカゲ. 山と溪谷社, 東京.

長崎県生物学会 (1976). 対馬の生物. 長崎県生物学会, 長崎.

Matsui, M., Okawa, H., Nishikawa, K., Aoki, G., Eto, K., Yoshikawa, N., Tanabe, S., Misawa, Y., Tominaga, A. (2019). Systematics of the widely distributed Japanese clouded salamander, *Hynobius nebulosus* (Amphibia: Caudata: Hynobiidae), and its closest relatives. *Curr. Herpetol.* 38: 32–90.

中島 淳 (2018). 大陸系遺存種. 魚類学の百科事典. (編) 一般社団法人日本魚類学会. 丸善出版, 東京, p. 234–235.

中島 淳・林 成多・石田和男・北野 忠・吉富博之 (2020). ネイチャーガイド日本の水生昆虫. 文一総合出版, 東京.

日本爬虫両棲類学会 (2021). 新 日本両生爬虫類図鑑. サンライズ出版, 滋賀.

小賀野大一・小林頼太 (2022). 日本各地で生じるニホンイシガメとクサガメの交雑に関する文献データを用いた解析. *爬虫両棲類学会報* 2022: 176–187.

Oh, H. S., Park, S. M., Han, S. H. (2017). Mitochondrial haplotype distribution and phylogenetic relationship of an endangered species Reeve's turtle (*Mauremys reevesii*) in East Asia. *J. Asia-Pacific Biodiversity* 10: 27–31.

佐藤正典 (2000). 有明海の生きものたち 干潟・河口域の生物多様性. 海游舎, 東京.

Suzuki, D., Ota, H., Oh, H. S., Hikida, T. (2011).

- Origin of Japanese Populations of Reeves' Pond Turtle, *Mauremys reevesii* (Reptilia: Geoemydidae), as Inferred by a Molecular Approach. *Chelonian Conserv. Biol.* 10: 237–249.
- 鈴木 大 (2012). クサガメ日本集団の起源. 亀楽 4: 1–7.
- Suzuki, D., Yabe, T., Hikida, T. (2014). Hybridization between *Mauremys japonica* and *Mauremys reevesii* Inferred by Nuclear and Mitochondrial DNA Analyses. *J. Herpetol.* 48: 445–454.
- 鈴木 大 (2015). ニホンイシガメとクサガメの異種間交雑. 亀楽 10: 1–5.
- 鈴木 大 (2019). 九州地方のクサガメ. 九州・奄美・沖縄の両生爬虫類 カエルやヘビのことをもっと知ろう. (編)九州両生爬虫類研究会. 東海大学出版部, 平塚, p.100–101.
- 鈴木 大 (2020). クサガメにおける系統分類学的研究の紹介. 亀楽 20: 12–18.
- 鈴木 大 (2024) クサガメ日本列島集団の起源とニホンイシガメに対する遺伝的攪乱ー遺伝子解析から見る外来種問題. 生物の科学 遺伝 78: 492–497.
- 高橋亮雄 (2015). 化石および遺跡産骨格残骸からみた日本の現生淡水生カメ類の歴史. 日本爬虫両棲類学会報 2015: 133–143.
- Takahashi, A., Kusaka, A., Kamezaki, N. (2019). Skeletal Remains of *Mauremys reevesii* (Testudines: Geoemydidae) from a Late Medieval Archeological Site in Fukuyama City, Hiroshima Prefecture, Western Japan. *Curr. Herpetol.* 38: 160–168.
- 高橋洋生 (2023). クサガメ外来種説の捉え方に関する一考察. 御亀楽 1: 18–22.
- Takehana, Y., Nagai, N., Matsuda, M., Tsuchiya, K., Sakaizumi, M. (2003). Geographic variation and diversity of the cytochrome b gene in Japanese wild populations of medaka, *Oryzias latipes*. *Zool. Sci.* 20: 1279–1291.
- Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S. (2021). MEGA 11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Mol. Biol. Evol.* 38: 3022–3027.
- 谷口真理・亀崎直樹 (2017). 大阪湾内で清掃船により捕獲された淡水カメ類. 亀楽 14: 9.
- Ueno, S., Kamezaki, N., Mine, K., Suzuki, D., Hosoya, S., Kikuchi, K., Okamoto, K., Torii, M., Kadowaki, K., Okamoto K., Sano, M. (2022). Reproductive ability of the hybrid between Japanese pond turtle (*Mauremys japonica*) and Reeves' pond turtle (*Mauremys reevesii*). *Zool. Sci.* 39: 186–192.
- Watanabe, K., Tabata, R., Nakajima, J., Kobayakawa, M., Matsuda, M., Takaku, K., Hosoya, K., Ohara, K., Takagi, M., Jang-Liaw, N.H. (2020). Large-scale hybridization of Japanese populations of Hinamoroko, *Aphyocypris chinensis*, with *A. kikuchii* introduced from Taiwan. *Ichthyol. Res.* 67: 361–374.

Received: 9 July 2024 | Accepted: 15 December 2024 | Published: 21 December 2024