

東京都および埼玉県の荒川水系から採集されたヤリタナゴの遺伝的特徴

伊藤 玄¹・村橋卓也²・内田大貴³・谷口倫太郎⁴・久保田潤一⁵

Author & Article Info

¹ 龍谷大学生物多様性科学研究センター（大津市）
sakurahayabusa6647@gmail.com (corresponding author)² 東日本旅客鉄道（株）（東京）³ （株）環境指標生物（東京）⁴ 岡山大学大学院環境生命自然科学研究科（岡山市）⁵ 特定非営利活動法人 NPO birth（西東京市）

Received 22 May 2024

Revised 01 June 2024

Accepted 01 June 2024

Published 03 June 2024

DOI 10.34583/ichthy.45.0_15

Gen Ito, Takuya Murahashi, Daiki Uchida, Rintaro Taniguchi and Jun-ichi Kubota. 2024. Genetic characteristics of *Tanakia lanceolata* from the Ara River system in the Kanto region, Japan. *Ichthy, Natural History of Fishes of Japan*, 45: 15–18.

Abstract

The Kanto region has been considered a natural distribution area of *Tanakia lanceolata*. However, previous studies have only identified non-native lineages. In this study, we investigated two populations located in Tokyo and Saitama prefectures. Analysis of the mitochondrial DNA cytochrome *b* region revealed that these populations belong to the non-native lineages from the Kinki and Hokuriku regions. This report is the first record of non-native *T. lanceolata* in Tokyo Prefecture.

ヤリタナゴ *Tanakia lanceolata* (Temminck and Schlegel, 1846) は、飼育や釣りの対象としての人気が高く、意図的放流に起源すると思われる移入個体が近年相次いで報告されており (Tominaga et al., 2020; 伊藤ほか, 2022a), 13 県において国内外来種としての報告例がある (伊藤ほか, 2023). 日本国内では本州・四国・九州の広い地域に自然分布し (細谷, 2019; 北村・内山, 2020), ミトコンドリア DNA (mtDNA) の部分塩基配列に基づく系統地理解析 (Hashiguchi et al., 2006; Tominaga et al., 2020) により, 9 つの地域に概ね異所的に分布する遺伝的系統が知られている [Group A (九州北部の一部, 四国, 中国, 近畿地方の瀬戸内地域), Group B (北陸地方南部), Group C (東海地方太平洋側), Group D-1 (東北地方日本海側), Group D-2 (新潟県上越地方), Group D-3 (北陸地方北部), Group E (九州北部), Group F (九州北部, 有明海集水域), Group G (山

陰地方)]. そのため, ヤリタナゴ外来系統の移入の有無および移入起源の推定において, mtDNA の系統解析が有用である (Tominaga et al., 2020; 伊藤ほか, 2022a).

関東地方では, 古くは 1800 年代にヤリタナゴの採集記録があり, かつては本種が広域に分布したことが知られている (青柳, 1957; 東京都環境局自然環境部, 2023). これまでに関東地方のヤリタナゴの遺伝的特徴を調査した Tominaga et al. (2020) と谷口ほか (2021) では, 荒川, 利根川, 久慈川, 那珂川の各水系から採集した計 48 個体から, 九州から瀬戸内地域に広く自然分布する Group A と, 東海地方に自然分布する Group C に内包される遺伝的特徴を有する個体が確認された. このことから, 関東地方の在来個体群は, 移入系統との交雑により失われた可能性があるとしてされている (Tominaga et al., 2020). しかしながら, これまでに調べられた関東地方の個体群は数地点のみであり, 関東地方在来個体群が生き残っている可能性があり, もしそのような個体群が発見された場合は早急な保全措置が必要である. そのような折, 2020 年から 2021 年にかけて, それまで絶滅とされていた東京都北部の北多摩地域のヤリタナゴが再発見された (内田ほか, 2021). 東京都では, 1960 年代ごろまで平野部に広く分布していたと考えられているが, 現在では東京都のレッドデータブックにおいて情報不足に位置づけられている (東京都環境局自然環境部, 2023). 内田ほか (2021) で採集された個体については, DNA 解析が行われておらず, もし関東地方在来系統であれば保全が急務である. 著者らは, 内田ほか (2021) で報告された同地点より, 新たにヤリタナゴを得た. また, 同地点の近郊に位置する埼玉県日高市の荒川水系の 1 地点からも本種を得た. 本研究で調査した東京都北多摩地域および埼玉県日高市は, これまでに Tominaga et al. (2020) で調べられた埼玉県荒川水系の 1 地点とは異なる市町村となる (富永浩史氏, 私信). 本研究では, これらの個体の mtDNA 部分塩基配列に基づく遺伝的解析を行い, 外来系統の侵入の有無について検討を行った.

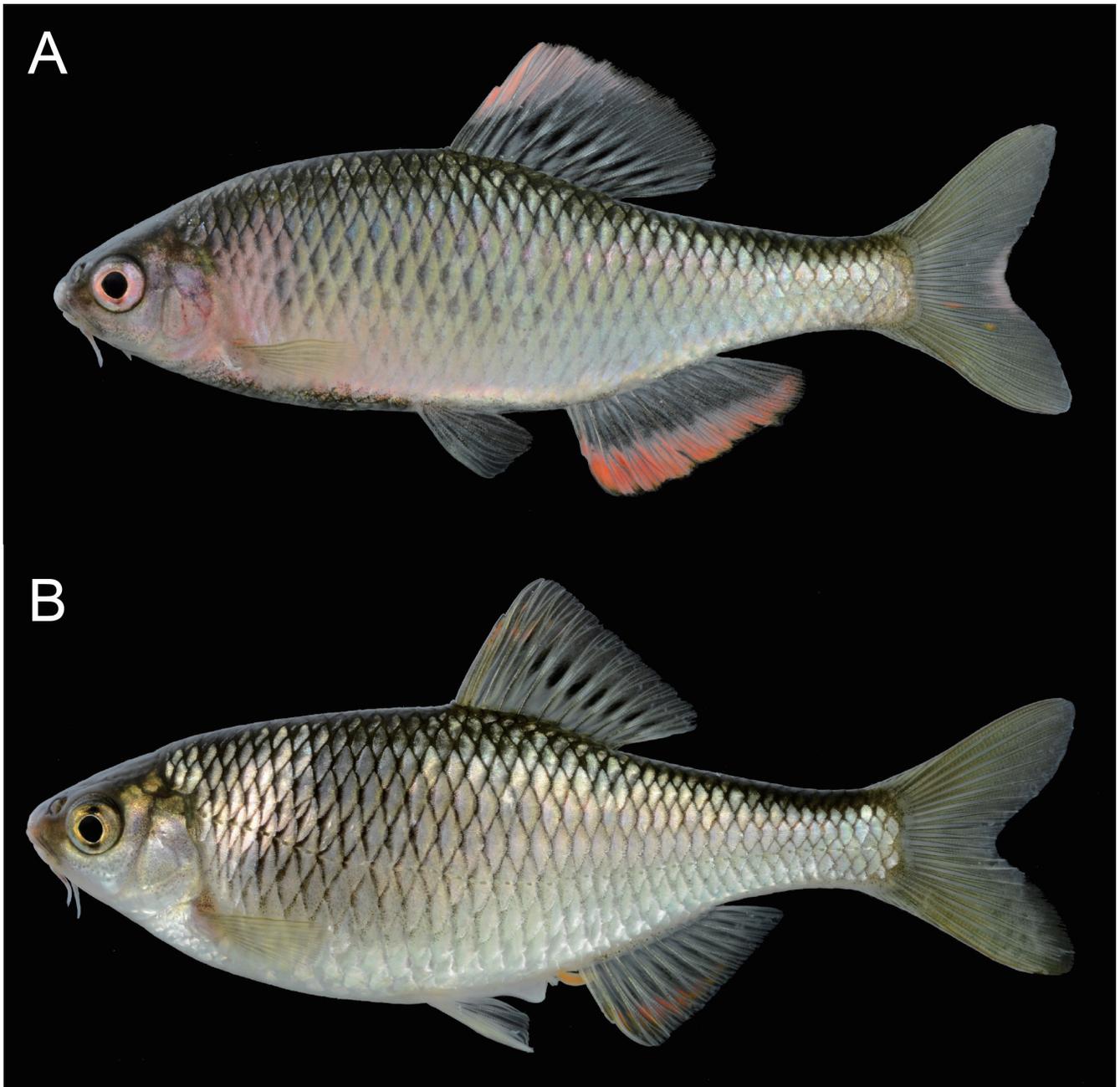


Fig. 1. Specimens of *Tanakia lanceolata* collected from Hidaka City in Saitama Prefecture, Japan. A: male, 75.9 mm standard length (SL); B: female, 72.9 mm SL (MIE-Fi4800). Photo by G. Ito.

材料と方法

東京都北多摩地域に位置する東村山市の1地点から2021年6月20日に採集した3個体と9月6日に採集した10個体の計13個体、埼玉県日高市の1地点から2022年6月25日に採集した11個体のヤリタナゴの、計24個体を解析に用いた。採集された個体については、右腹鰭の一部を切除して99.5%エタノールに浸漬し、DNAの抽出を行うまで-20°Cのフリーザー内で保管した。ただし、6月20日に採集した3個体については、個体ごと99.5%エタノールに浸漬した。9月6日に採集した10個体については、鰭の切除後ただちにその場に放流した。埼玉県で採集した個体については魚体を10%ホルマリン溶液で固定後、70%エタノール溶液に置換して保存した。標本については、三重県総合博物館魚類標本(MIE-Fi)として登録・保管し、

採集地点情報を附して、東京都東村山市採集個体をMIE-Fi3881、埼玉県日高市採集個体をMIE-Fi4800 (Fig. 1)とした。

DNA抽出および、PCR増幅に使用したプライマーについては、伊藤ほか(2022b)に従った。PCRには、TaKaRa Ex Premier DNA Polymerase Dye plus (タカラバイオ株式会社)を使用し、サーマルサイクラーで94°C・1分のホットスタートの後、98°C・10秒、50°C・15秒、68°C・30秒の温度サイクルを30回繰り返す、68°C・30秒の最終伸長反応を行った。PCR産物の精製については、ExoSAP-IT Express (Thermo Fisher Scientific社)を用いた。PCRに用いたリバースプライマーを用いて、タカラバイオ株式会社による受託解析(プレミックスシーケンス解析)を利用し、塩基配列を決定した。得られた866 bpの塩基配列については、DDBJ, EMBL, GenBankのデータ

ベースに登録した（登録番号 LC815321–LC815324）。得られた塩基配列の長さを揃え、比較するための多重整列には、MAFFT version 7 (Katoh et al., 2019) を用いた。BLAST を用いて、得られた塩基配列の相同性検索を行った。

結 果

24 個体のヤリタナゴの mtDNA の *cyt b* 領域 866 bp の塩基配列を決定した結果、2 種類のハプロタイプ (AY1, AY2) が得られた。AY1 は、東京都で採集された全 13 個体および、埼玉県で採集された 9 個体から確認された。AY2 は、埼玉県で採集された 2 個体から確認された。得られたハプロタイプの塩基配列を用いて BLAST 検索したところ、AY1 が九州から瀬戸内地域に自然分布する Group A に内包される、1,111–1,140 bp で登録されている 4 ハプロタイプ (AB108894, LC465050, LC465093, KF410807) の相同領域と 100% で一致した。AY2 が青森県から新潟県に自然分布する Group D-1 に内包される、1,111 bp で登録されている 1 ハプロタイプ (LC465106) の相同領域と 100% で一致した。

考 察

本研究により、東京都および埼玉県の荒川水系に属する地点から採集されたヤリタナゴから 2 種類のハプロタイプが得られ、Group A と Group D-1 にそれぞれ内包された。Group A は、九州から瀬戸内地域に自然分布すると考えられているが、関東地方からはこれまでに荒川、利根川、久慈川、那珂川の各水系からも報告されている (Tominaga et al., 2020; 谷口ほか, 2021)。関東地方における Group A は、自然分布地域内のハプロタイプと同一であること、関東地方における遺伝的多様性が低いこと (3 種類のハプロタイプのみ)、Group A が自然分布する九州から瀬戸内地域と関東地方との間に、別の系統 (Group C) が自然分布していることなどから、外来系統であると考えられている (Tominaga et al., 2020; 谷口ほか, 2021)。本研究で確認されたハプロタイプ AY1 は、Tominaga et al. (2020) および谷口ほか (2021) で関東地方から確認された 3 種類のハプロタイプ (AB108894, LC465050, LC465093) と一致した (なお、KF410807 の産地は不明である)。本研究で検出されたハプロタイプの塩基配列長は 866 bp であり、Tominaga et al. (2020) で調べられた 1,111 bp より短いため、これらのハプロタイプのうちどれと一致するかについては不明であるが、既に関東地方に移入されているハプロタイプと一致したことは間違いない。このことは、これらの個体が同じ地域から複数地点に移入されている可能性や、関東地方内での二次的拡散が生じている可能性を示唆するものである。

本研究により、Group D-1 に内包されたハプロタイプ AY2 が確認された。これまでに関東地方からは、Group

D-1 に内包される遺伝的特徴を有する個体が確認されたことはなく (Tominaga et al., 2020; 谷口ほか, 2021)、本研究が関東地方からの新たな確認例となる。Group D-1 は、青森県岩木川水系から新潟県信濃川水系までの日本海側を流れる水系に自然分布する系統であり、AY2 は、その中でも福島県阿賀野川水系から報告されているハプロタイプと一致した。新潟県や福島県の日本海側と関東地方太平洋側は、越後山脈などによって隔てられている。ヤリタナゴと同様の平野部から丘陵部に主に生息する淡水魚類では、東日本の日本海側と太平洋側で遺伝的特徴が異なる例が知られており (Takehana et al., 2003; Miyazaki et al., 2011; Kitamura et al., 2012; Okada et al., 2023)、種によっては別種または別亜種とされているほどである (例えば、タビラ *Acheilognathus tabira* Jordan and Thompson, 1914, メダカ種群 *Oryzias latipes* complex, ホトケドジョウ *Lefua echigonia* Jordan and Richardson, 1907, ドジョウ Type I 種 *Misgurnus* sp. Type I sensu Okada et al., 2017 など)。これらのことから、埼玉県から確認された AY2 についても、AY1 と同様に外来系統であると考えられる。

本研究により、東京都において 2020 年度に再発見されたヤリタナゴは外来系統である可能性が高いと考えられた。なお、これまでに東京都から採集されたヤリタナゴの遺伝的特徴を解析した例はなく (Tominaga et al., 2020; 谷口ほか, 2021)、東京都からヤリタナゴの外来系統は確認されていないため (伊藤ほか, 2023)、本研究が初めての確認となる。このヤリタナゴ個体群の生息環境は河川であり、流下による拡散が懸念され (内田ほか, 2021)、流域内に在来のヤリタナゴ個体群が残されている場合は遺伝的攪乱などの悪影響が懸念される。今後、適切な対策を行うためにも、流域内の分布範囲を特定することが必要である。これまでに行われた関東地方におけるヤリタナゴの遺伝的特徴に関する研究は、本研究を含めても 10 地点にみたないことから、関東地方のヤリタナゴの在来性を明らかにするためには、今後より網羅的なサンプリングによる解析や、核 DNA のゲノムワイドな解析による検討が必要である。

謝 辞

本稿を執筆するにあたり、龍谷大学先端理工学部の山中裕樹教授には、研究設備や実験器具の使用を許可していただいた。櫻井康雄氏には、採集した個体を提供していただいた。特定非営利活動法人 NPO birth の折原磨守氏および東京農業大学造園科学科の折原さくら氏には、採集地における本種の生息状況について有益なご助言をいただいた。関西学院高等部の富永浩史氏には、貴重な情報を提供していただいた。三重県総合博物館の北村淳一博士には、標本登録していただいた。本研究の一部は、JSPS 科研費

(22K14908) および NPO birth 保全研究費の援助を受けた。ここに記し、厚くお礼申し上げる。

引用文献

- 青柳兵司. 1957. 日本列島産淡水魚類総説. 大修館書店, 東京. 272 pp.
- Hashiguchi, Y., T. Kado, S. Kimura and H. Tachida. 2006. Comparative phylogeography of two bitterlings, *Tanakia lanceolata* and *T. limbata* (Teleostei, Cyprinidae), in Kyushu and adjacent districts of western Japan, based on mitochondrial DNA analysis. *Zoological Science*, 23: 309–322.
- 細谷和海. 2019. 増補改訂日本の淡水魚. 山と溪谷社, 東京. 560 pp.
- 伊藤 玄・旗 薫・北村淳一・古屋康則. 2022a. 宮城県鳴瀬川水系における国内外来ヤリタナゴ *Tanakia lanceolata* の確認と遺伝的特徴. *魚類学雑誌*, 69: 57–62.
- 伊藤 玄・北村淳一・谷口倫太郎・熊谷正裕. 2023. 文献情報に基づく日本産タナゴ亜科魚類における国内外来種の分布状況. *保全生態学研究*, 28: 125–135. [URL](#)
- 伊藤 玄・小山直人・川瀬成吾・古屋康則. 2022b. 大阪府淀川水系における国内外来ミナミアカヒレタビラの初確認と移入起源. *地域自然史と保全*, 44: 3–8.
- Katoh, K., J. Rozewicki and K. D. Yamada. 2019. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics*, 20: 1160–1166. [URL](#)
- Kitamura, J., N. Nagata, J. Nakajima and T. Sota. 2012. Divergence of ovipositor length and egg shape in a brood parasitic bitterling fish through the use of different mussel hosts. *Journal of Evolutionary Biology*, 25: 566–573. [URL](#)
- 北村淳一・内山りゅう. 2020. 日本のタナゴ 生態・保全・文化と図鑑. 山と溪谷社, 東京. 224 pp.
- Miyazaki, J.-I., M. Dobashi, T. Tamura, S. Beppu, T. Sakai, M. Mihara and K. Hosoya. 2011. Parallel evolution in eight-barbel loaches of the genus *Leleia* (Balitoridae, Cypriniformes) revealed by mitochondrial and nuclear DNA phylogenies. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 60: 416–417. [URL](#)
- 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.
- Okada, R., K. Morita, T. Toyama, Y. Yashima, H. Onozato, K. Takata and T. Kitagawa. 2023. Reconstruction of the native distribution range of a Japanese cryptic dojo loach species (*Misgurnus* sp. Type I sensu Okada et al. 2017): has the Type I loach dispersed beyond the Blakiston's Line? *Ichthyological Research*, doi: 10.1007/s10228-023-00934-0 (Nov. 2023).
- Takehana, Y., N. Nagai, M. Matsuda, K. Tsuchiya and M. Sakaizumi. 2003. Geographic variation and diversity of the cytochrome *b* gene in Japanese wild populations of Medaka, *Oryzias latipes*. *Zoological Science*, 20: 1279–1291.
- 谷口倫太郎・新田理人・太田啓佑・小山田康広・石川孝典. 2021. 栃木県那珂川水系におけるヤリタナゴ *Tanakia lanceolata* の記録及び遺伝的特徴. *日本生物地理学会会報*, 76: 65–70.
- 東京都環境局自然環境部. 2023. 東京都レッドデータブック 2023 東京都の保護上重要な野生動物 (本土部) 解説版. 東京都環境局自然環境部, 東京. 879 pp.
- Tominaga, K., N. Nagata, J. Kitamura, K. Watanabe and T. Sota. 2020. Phylogeography of the bitterling *Tanakia lanceolata* (Teleostei: Cyprinidae) in Japan inferred from mitochondrial cytochrome *b* gene sequences. *Ichthyological Research*, 67: 105–116.
- 内田大貴・泉 北斗・谷口倫太郎・古旗峻一・久保田潤一. 2021. 東京都で2020年度に採集されたヤリタナゴ *Tanakia lanceolata* 個体群. *日本生物地理学会会報*, 76: 23–28.