ICHTHY
Natural History of Fishes of Japan
EDITED AND PUBLISHED BY THE KAGOSHIMA UNIVERSITY MUSEUM
ISSN 2435-7715
ORIGINAL RESEARCH ARTICLE
https://www.museum.kagoshima-u.ac.jp/ichthy/articles.html
https://www.jstage.jst.go.jp/browse/ichthy/-char/ja

岐阜県から得られたアブラボテ・ヤリタナゴ交雑個体の遺伝的特徴

熊﨑結菜[1]・只野　亮[1]

Author & Article Info

[1] 岐阜大学応用生物科学部（岐阜市）
RY: tadano.ryo.i0@f.gifu-u.ac.jp (corresponding author)

Received　22 October 2026
Revised　30 October 2026
Accepted　05 November 2026
Published　07 November 2026
DOI　10.34583/ichthy.73.0_15

Yuina Kumazaki and Ryo Tadano. 2026. Genetic characteristics of hybrids between *Tanakia limbata* and *T. lanceolata* collected from Gifu Prefecture, Japan. Ichthy, Natural History of Fishes of Japan, 73: 15–19.

Abstract

Four putative hybrids between *Tanakia limbata* and *T. lanceolata* were collected from Gifu Prefecture, Japan. These individuals were confirmed to be hybrids via DNA analyses. Mitochondrial DNA analysis revealed that three of the four hybrids had the haplotype of *T. limbata*, whereas the remaining one had that of *T. lanceolata*. Furthermore, four nuclear DNA analyses showed that three of the four hybrids had heterozygous genotypes derived from *T. limbata* and *T. lanceolata* for all nuclear genes, indicating that they may be the first filial generation (F_1) hybrids. The remaining hybrid had heterozygous genotypes from both species for one nuclear gene and homozygous genotypes from *T. lanceolata* for three genes. *Tanakia limbata* and *T. lanceolata* can produce fertile hybrids. Therefore, this hybrid is presumed to be a later-generation hybrid [e.g., the second filial generation (F_2) hybrids] or backcross progeny.

アブラボテ *Tanakia limbata* (Temminck and Schlegel, 1846) とヤリタナゴ *Tanakia lanceolata* (Temminck and Schlegel, 1846) は，タナゴ科アブラボテ属に分類される河川の中・下流や農業用水路などに生息する淡水魚である（細谷，2025；本村，2026）．これら 2 種の人工交雑では，雌雄ともに生殖能力を持つ雑種第 1 世代（F_1）が得られ，さらに雑種第 2 世代（F_2）や戻し交雑世代の作出も可能であることが示されている（鈴木・日比谷，1986）．また，2 種が同所的に生息している水域でも交雑が起こることが知られており，ミトコンドリアや核の DNA 解析の結果から，F_1 や F_2 ならびに戻し交雑による個体の存在が報告されている（Hashiguchi et al., 2006；松葉ほか，2014; Uemura et al., 2018; Hata et al., 2019, 2023）．人為的に移入されたアブラボテと在来のヤリタナゴが生息する水域では，交雑は双方向で起こるが移入種であるアブラボテ雌とヤリタナゴ雄の間に偏ることが示されている（Uemura et al., 2018; Hata et al., 2019）．また，2 種がともに自然分布する水域では，8 個体の交雑個体のうち 5 個体が F_1 で 3 個体が F_2 以降であり，F_1 の 3 個体がヤリタナゴを 2 個体がアブラボテをそれぞれ母種としていたことが報告されている（Hata et al., 2023）．アブラボテとヤリタナゴの F_1 では，純系個体よりも生存率が低いことが報告されており（Kawamura and Hosoya, 2000），交雑個体の特徴を明らかにすることは，両種の保全における基礎的な知見になり得ると考えられる．今回，岐阜県においてアブラボテとヤリタナゴの交雑が疑われる個体を採集し，ミトコンドリアと核の DNA 解析により交雑個体の遺伝的特徴について検討したので，ここに報告する．

材料と方法

供試魚　交雑が疑われる 4 個体（Hybrid_01–04），アブラボテ 2 個体（*T. lim*_01 と *T. lim*_02），ヤリタナゴ 2 個体（*T. lan*_01 と *T. lan*_02）を用いた．Hybrid_01 から Hybrid_04 と他の 2 種の個体（*T. lim*_01 と *T. lan*_01）の写真を Fig. 1 に示した．これらの個体は，2024 年 2 月から 7 月にかけて，岐阜県長良川水系の水路において著者の只野が釣獲した．後述の DNA 解析のため，Hybrid_01–04，*T. lim*_01 と 02，*T. lan*_01 と 02 の合計 8 個体の鰭または筋組織の一部を 99% エタノールに入れ −20°C で冷凍保存した．供試魚は，採集地点の情報を附し岐阜県博物館（GPM）に標本として登録保管した（Hybrid_01–04: GPM-Z 47835–47838, *T. lim*_01 と 02: GPM-Z 47839 と 47840, *T. lan*_01 と 02: GPM-Z 47842 と 47843）．

DNA 解析　DNeasy Blood & Tissue Kit（キアゲン社）を使用して，製品のプロトコルに従い，各個体から DNA を抽出した．抽出した DNA は濃度測定後に 15 ng/µl に

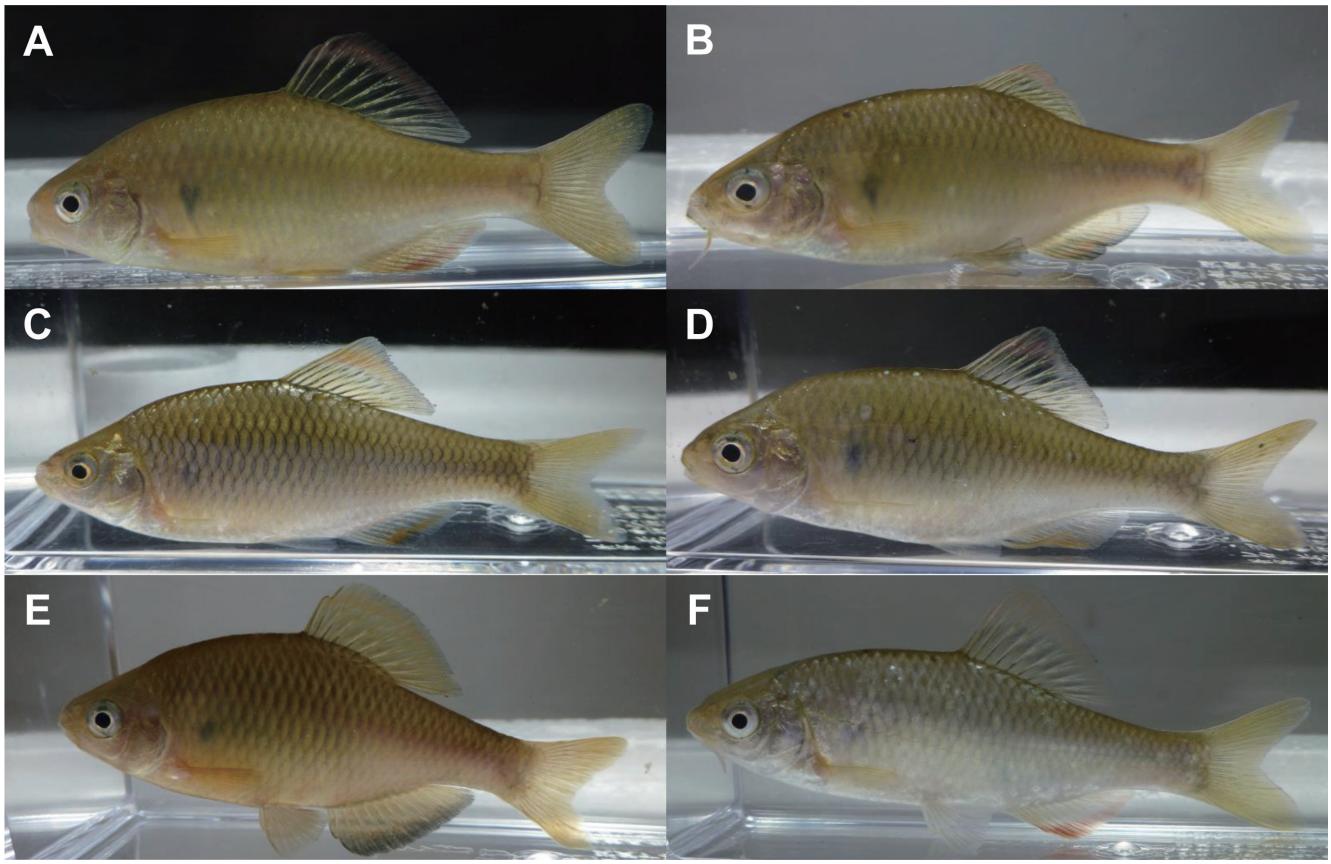


Fig. 1. Photographs of (A, B, C, and D) putative hybrids of *Tanakia limbata* and *T. lanceolata* (Hybrid_01, Hybrid_02, Hybrid_03, and Hybrid_04), (E) *T. limbata* (*T. lim*_01), and (F) *T. lanceolata* (*T. lan*_01) collected from Gifu Prefecture, Japan.

調整して鋳型 DNA とした．ミトコンドリア DNA の cytochrome *b* (cyt*b*) 領域の部分塩基配列（ハプロタイプ）の PCR 増幅には，L14690-Cb-AH (5'-GGT CAT AAT TCT TGC TCG GA-3') と H15913-Thr-AH (5'-CCG ATC TTC GGA TTA CAA GAC CG-3') (Kitanishi et al., 2016) のプライマーセットを使用した．PCR 反応液の組成・反応条件ならびに PCR 産物の精製から塩基配列の決定までの手法は，只野（2024）に従った．なお，シークエンス反応には L14690-Cb-AH プライマーを用いた．決定した cyt*b* 領域のハプロタイプに関して，MEGA11 (Tamura et al., 2021) に実装されている MUSCLE (Edgar, 2004) を用い，日本 DNA データバンク（DDBJ）に登録されている既報（Hashiguchi et al., 2006; Tominaga et al., 2019）のアブラボテ（accession no. AB108946, AB108968, AB108972, LC465124, LC465128）とヤリタナゴ（LC465037, LC465054, LC465063, LC465068, LC465086）のハプロタイプを加え，多重整列して相同な 554 塩基対を得た．その後，*p*-distance を推定し近隣結合法による系統樹を作成した．各枝の信頼性は，1,000 回のブートストラップ検定により推定した．本研究で得られた cyt*b* 領域のハプロタイプの塩基配列は，DDBJ に登録した（accession no. LC944953–944960）．

核 DNA に関しては，Recombination Activating Gene 1 (RAG1) 遺伝子と Early Growth Response 1, 2B, 3 (EGR1, EGR2B, EGR3) 遺伝子の合計 4 つの遺伝子の部分塩基配列を決定した．RAG1 遺伝子の PCR 増幅では，RAG1-F (5'-ATA TTC CAG CCC CTG CAC AC-3') と RAG1-R (5'-ACA TGG GCC AGA GTC TTG TG-3') (Kim et al., 2015) のプライマーセットを使用した．EGR1 遺伝子，EGR2B 遺伝子，EGR3 遺伝子の PCR 増幅では，E1-333F (5'-CAG YAA CAG TCT RTG GGC TGA G-3') と E1-1104R (5'-CGC AGG TGG ATC TTR GTG TG-3')，E2B-278F (5'-AGT TTT CCA TCG ACT CSC AGT A-3') と E2B-1117R (5'-AGG TGG ATT TTG GTG TGT CTY TT-3')，E3-161F (5'-AAT ATC ATG GAC YTG GGN ATG G-3') と E3-1136R (5'-GGY TTC TTG TCC TTC TGT TTS AG -3') (Chen et al., 2008) のプライマーセットをそれぞれ用いた．核 DNA の PCR は，TaKaRa LA Taq（タカラバイオ株式会社）を用いて，製品のプロトコルに従い 1 サンプルあたりの反応液の総量を 20 µl として行った．反応条件は，95°C 10 分間の後，95°C 1 分の熱変性，60°C (1 サイクルごとに −1°C) で 1 分間のアニーリング，72°C で 1 分間の伸長反応を 10 サイクル行い，続いて 95°C で 1 分間の熱変性，50°C で 1 分間のアニーリング，72°C で 1 分間の伸長反応を 25 サイクル行い，最後に 72°C で 10 分の最終伸長とした．その後の PCR 産物の精製から塩基配列の決定までは，只野（2024）に従い行った．なお，RAG1 遺伝子に関しては，RAG1-R プライマーを用いシークエン

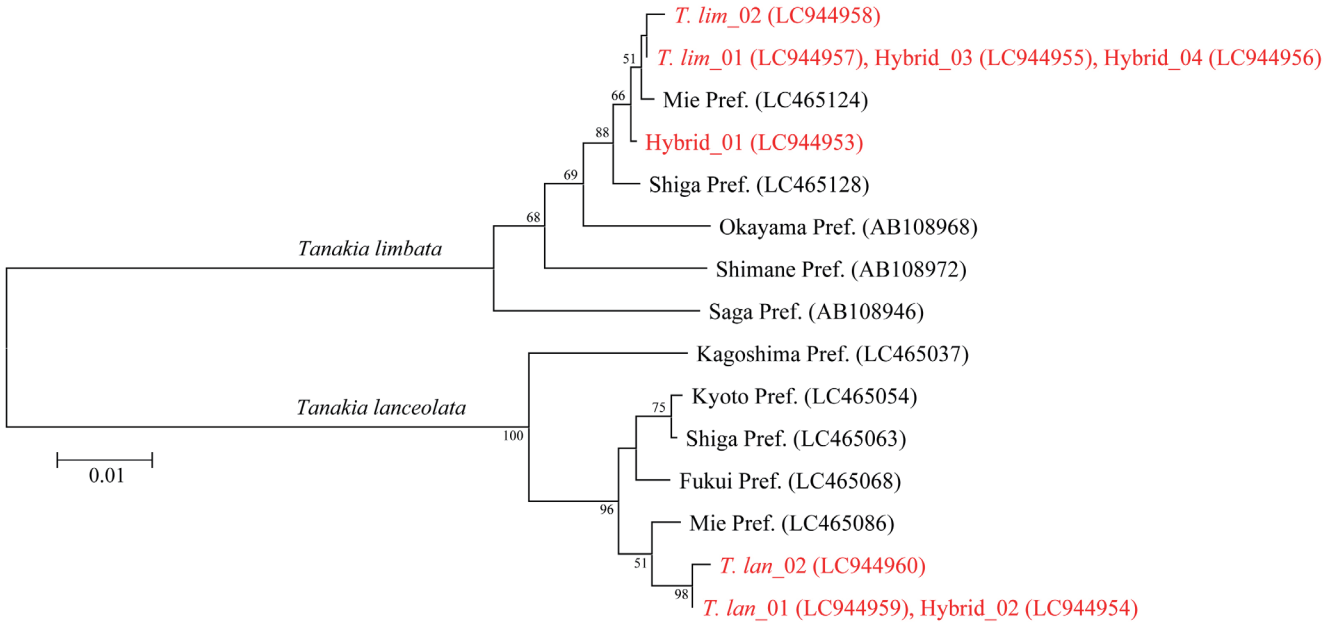


Fig. 2. A neighbor-joining tree created using the *p*-distances among mitochondrial DNA cytochrome *b* haplotypes (554 base pairs). The haplotypes detected in this study are indicated in red. GenBank accession numbers for the haplotypes are indicated within parentheses. Bootstrap values > 50% are shown for each node.

ス反応を行った．その他の 3 つの遺伝子のシークエンス反応では，PCR 時と同様の 2 つのプライマーをそれぞれ用い，個体ごとに得られた両鎖の塩基配列を結合させて解析データとした．本研究で得られた核 DNA の塩基配列は，DDBJ に登録した（RAG1 遺伝子：accession no. LC944961–944968，EGR1 遺伝子：LC944969–944976，EGR2B 遺伝子：LC944977–944984，EGR3 遺伝子：LC944985–944992）．

結果と考察

供試魚のミトコンドリア DNA の cyt*b* 領域については，554 塩基対を決定した．Hybrid_02 のハプロタイプは，本研究で用いたヤリタナゴ 2 個体のうちの 1 個体（*T. lan*_01）と，Hybrid_03 ならびに Hybrid_04 のハプロタイプは，本研究で用いたアブラボテ 2 個体のうちの 1 個体（*T. lim*_01）と一致していた．他地域のアブラボテとヤリタナゴのハプロタイプも含め作成した系統樹では，2 種が個別のクラスターを形成し，Hybrid_01，Hybrid_03，Hybrid_04 の 3 個体はアブラボテのハプロタイプ，Hybrid_02 はヤリタナゴのハプロタイプのクラスターに含まれた（Fig. 2）．

核 DNA の RAG1 遺伝子では 268 塩基対，EGR1 遺伝子では 371 塩基対，EGR2B 遺伝子では 678 塩基対，EGR3 遺伝子では 618 塩基対を決定し，それぞれ 1 カ所，2 カ所，3 カ所，9 カ所の変異サイトが検出された（Table 1）．これらの変異サイトのうち，3 カ所（EGR1 遺伝子の 107 番，EGR3 遺伝子の 300 番と 573 番）を除いた 12 カ所で，アブラボテとヤリタナゴで塩基が異なっており，交雑が疑われる個体の多くで両種由来のヘテロ型を示した．RAG1 遺伝子と EGR1 遺伝子において，種間で塩基が異なっていたのは，それぞれ 1 カ所のみであり，種内の多型である可能性も考えられた．そこで，DDBJ に登録されているアブ

Table 1. Variable nucleotide positions of partial *RAG1* (268 base pairs), *EGR1* (371 base pairs), *EGR2B* (678 base pairs), and *EGR3* (618 base pairs) detected in putative hybrids and their parental species.

	Variable position														
	RAG1	*EGR1*		*EGR2B*			*EGR3*								
Species	78*	107	347*	30*	54*	144*	120*	177*	195*	300	314*	432*	459*	522*	573
*T. lim*_01	C	C	T	G	G	A	T	T	C	T	C	A	T	C	C
*T. lim*_02	C	C	T	G	G	A	T	T	C	T	C	A	T	C	C
Hybrid_01	M	C	Y	S	S	R	Y	Y	Y	T	S	R	Y	S	Y
Hybrid_02	M	C	Y	S	S	R	Y	Y	Y	Y	S	R	Y	S	C
Hybrid_03	A	C	Y	C	C	G	C	C	T	T	G	G	C	G	C
Hybrid_04	M	C	Y	S	S	R	Y	Y	Y	T	S	R	Y	S	C
*T. lan*_01	A	C	C	C	C	G	C	C	T	T	G	G	C	G	C
*T. lan*_02	A	M	C	C	C	G	C	C	T	Y	G	G	C	G	C

T. lim (*Tanakia limbata*), *T. lan* (*Tanakia lanceolata*); R (A/G), M (A/C), W(A/T), S(C/G), Y(C/T), K(G/T); * indicates differences between putative hybrids and parental species.

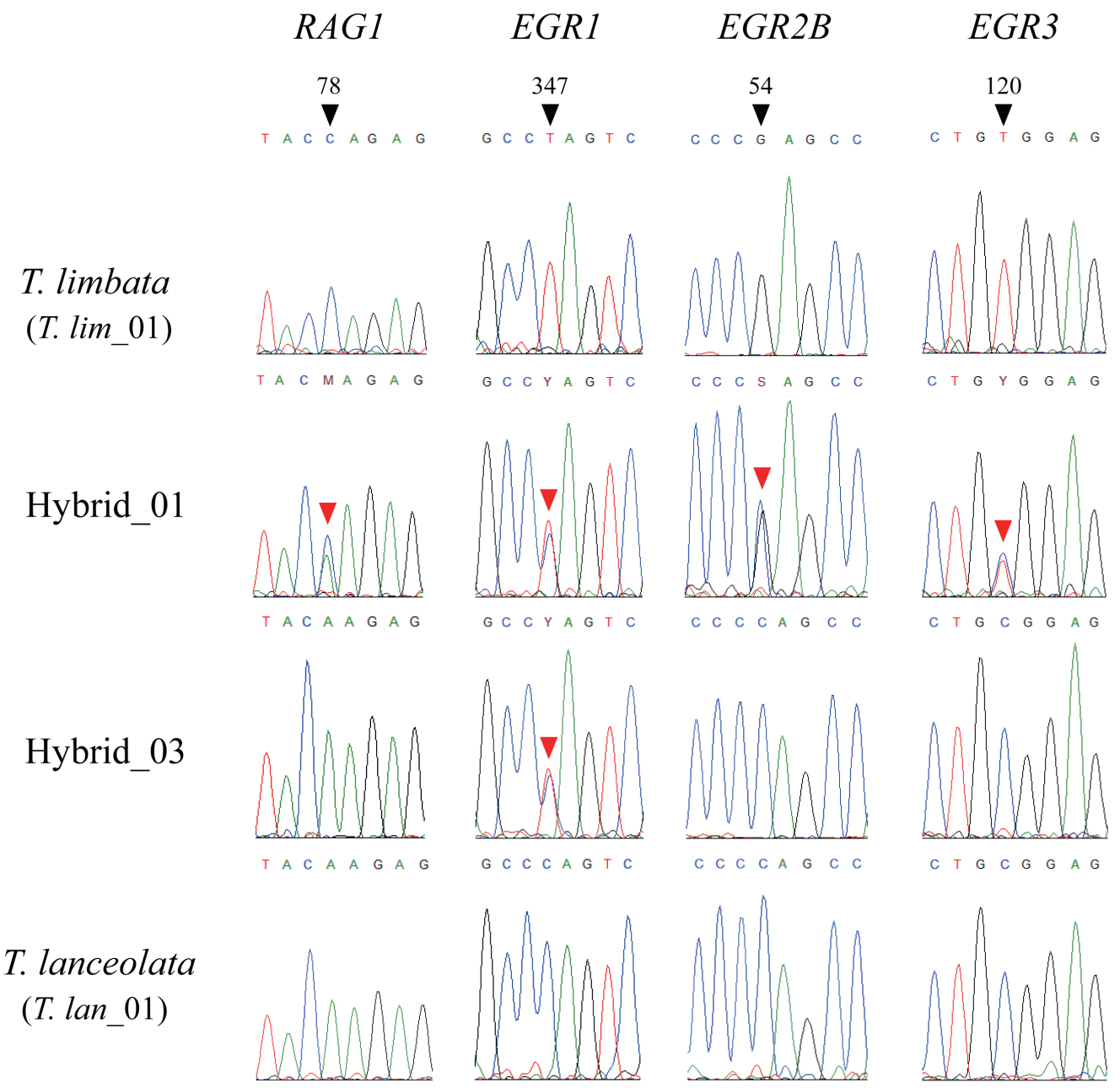


Fig. 3. Electropherograms of partial sequences of recombination activating gene 1 (RAG1) and early growth response 1, 2B, and 3 (EGR1, EGR2B, and EGR3) genes from *Tanakia limbata* (*T. lim*_01), Hybrid_01, Hybrid_03, and *T. lanceolata* (*T. lan*_01). Black arrowheads indicate variable nucleotide positions (base pairs) (see Table 2). Red arrowheads indicate heterozygous genotypes derived from *T. limbata* and *T. lanceolata*.

ラボテとヤリタナゴの複数個体の塩基配列と本研究で得られた配列を用い，多重整列して変異サイトを確認したところ，それぞれの遺伝子において種間で塩基が異なることが確認された．したがって，これらの変異サイトが種内の多型である可能性は低いと考えられる．これらの変異サイトに着目すると，Hybrid_01 は 4 つの遺伝子の 12 カ所すべ

Table 2. Genotypes of mitochondrial and nuclear DNA for putative hybrids.

	Mitochondrial DNA	Nuclear DNA			
	cyt*b*	*RAG1*	*EGR1*	*EGR2B*	*EGR3*
Hybrid_01	*T. lim*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*
Hybrid_02	*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*
Hybrid_03	*T. lim*	*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lan*	*T. lan*
Hybrid_04	*T. lim*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*	*T. lim*/*T. lan*

T. lim and *T. lan* derived from *Tanakia limbata* and *Tanakia lanceolata*, respectively; *T. lim*/*T. lan* indicates heterozygote derived from *Tanakia limbata* and *Tanakia lanceolata*.

てで，アブラボテとヤリタナゴに由来するヘテロ型を示した．例えば，RAG1 遺伝子の 78 番の M (A/C)，EGR1 遺伝子の 347 番の Y (C/T)，EGR2B 遺伝子の 54 番の S (C/G)，EGR3 遺伝子の 120 番の Y (C/T) である（Fig. 3）．同様の結果は，Hybrid_02 と Hybrid_04 からも得られた．一方で，Hybrid_03 は EGR1 遺伝子ではアブラボテとヤリタナゴに由来するヘテロ型を示したが，他の 3 つの遺伝子ではヤリタナゴに由来する塩基を有していた．例えば，RAG1 遺伝子の 78 番の A，EGR2B 遺伝子の 54 番の C，EGR3 遺伝子の 120 番の C である（Fig. 3）．

Hybrid_01–04 のミトコンドリアと核の DNA 解析の結果を Table 2 に示した．ミトコンドリア DNA については，4 個体のうち 3 個体がアブラボテのハプロタイプを有していた．核の DNA については，4 個体のうち 3 個体が 4 つの遺伝子すべてで，アブラボテとヤリタナゴ由来のヘテロ型を示した．F_2 あるいは戻し交雑による個体でも，すべての遺伝子が 1/16 の確率でヘテロ型になることは否定できないが，これら 3 個体は F_1 の可能性が高いと考えられる．残りの 1 個体は，4 つの遺伝子のうち 3 つで，ヤリタナゴ由来の塩基を示したことから，F_2 以降あるいは戻し交雑による個体であることが示唆された．F_1 の可能性がある 3 個体では，2 個体がアブラボテのハプロタイプを，残りの 1 個体がヤリタナゴのハプロタイプを有しており，母種が異なることが示された．人為的に移入されたアブラボテと在来のヤリタナゴが生息する場合，2 種の交雑は移入種であるアブラボテを母種とするケースが多いことが報告されている（Uemura et al., 2018; Hata et al., 2019）．タナゴ類は，釣りの対象や観賞魚として人気が高く，他地域から移植されるケースが多く報告されている（伊藤ほか，2023）．本研究のアブラボテから検出された cyt*b* 領域のハプロタイプは，近隣の三重県のものと 99% 以上の高い相同性を示したものの，同水系では九州産のアブラボテの移入も確認されている（向井，2019; Ito et al., 2026）．また，本研究で F_1 と推定された個体においても，アブラボテを母種とするケースがみられたが，サンプル数が少ないため，母種に偏りがあるかどうかを検証することはできなかった．そのため，同水系でのより多くの個体を対象とした調査が必要である．

謝　辞

本研究の DNA 解析にあたり，岐阜大学科学研究基盤センターゲノム研究分野にご協力いただきました．岐阜大学地域科学部の向井貴彦氏には，標本登録へのご協力をいただきました．Ichthy 編集委員の井藤大樹氏ならびに査読者からも，本稿に対して有益な助言をいただきました．ここに記して感謝申し上げます．

引用文献

Chen, W. J., M. Miya, K. Saitoh and R. L. Mayden. 2008. Phylogenetic utility of two existing and four novel nuclear gene loci in reconstructing tree of life of ray-finned fishes: the order Cypriniformes (Ostariophysi) as a case study. Gene, 423: 125–134.

Edgar, R. C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucleic Acids Research, 32: 1792–1797.

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.

Hata, H., R. Taniguchi, N. Yamashita, Y. Hashiguchi, J. Nakajima and T. Takeyama. 2023. Genotyping of two congeneric bitterling fish species by nuclear SNP markers and the detection of hybridization in a sympatric region. Ecological Research, 38: 571–582.

Hata, H., Y. Uemura, K. Ouchi and H. Matsuba. 2019. Hybridization between an endangered freshwater fish and an introduced congeneric species and consequent genetic introgression. PLoS ONE 14: e0212452.

細谷和海．2025．山溪ハンディ図鑑 日本の淡水魚 第 4 版．山と溪谷社，東京．583 pp.

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.

Ito, G., R. Noguchi and J. Kitamura. 2026. Phylogeographic structure and genetic disturbance of the oily bitterling *Tanakia limbata* in central Honshu, Japan. Biogeography, 29: 21–30.

Kawamura, K. and K. Hosoya. 2000. Masculinization mechanism of hybrids in bitterlings (Teleostei: Cyprinidae). Journal of Heredity, 91: 464–473.

Kim, H.-S., S.-W. Yun, H.-T. Kim and J.-Y. Park. 2015. Occurrence of a natural hybrid between *Acheilognathus signifer* and *A. lanceolatus* (Pisces: Cyprinidae). Korean Journal of Ichthyology, 27: 199–204.

Kitanishi, S., A. Hayakawa, K. Takamura, J. Nakajima, Y. Kawaguchi, N. Onikura and T. Mukai. 2016. Phylogeography of *Opsariichthys platypus* in Japan based on mitochondrial DNA sequences. Ichthyological Research, 63: 506–518.

松葉成生・吉見翔太朗・井上幹生・畑　啓生．2014．分子系統地理が示す愛媛県松山平野におけるアブラボテの人為移入起源．魚類学雑誌，61: 89–96.

本村浩之．2026．日本産魚類全種目録．これまでに記録された日本産魚類全種の現在の標準和名と学名．Online ver. 43. URL

向井貴彦．2019．岐阜県の魚類．岐阜新聞社，岐阜．223 pp.

鈴木伸洋・日比谷　京．1986．ヤリタナゴとアブラボテの雑種．日本大学農獣医学部学術報告，43: 151–164.

只野　亮．2024．DNA 解析により明らかとなったオイカワとヌマムツの交雑個体．Ichthy, National History of Fishes of Japan, 44: 31–36.

Tamura, K., G. Stecher and S. Kumar. 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. Molecular Biology and Evolution, 38: 3022–3027.

Tominaga, K., N. Nagata, J. Kitamura, K. Watanabe and T. Sota. 2019. Phylogeography of the bitterling *Tanakia lanceolata* (Teleostei: Cyprinidae) in Japan inferred from mitochondrial cytochrome *b* gene sequences. Ichthyological Research, doi: 10.1007/s10228-019-00715-8 (Oct. 2019), 67: 105–116 (Jan. 2020).

Uemura, Y., S. Yoshimi and H. Hata. 2018. Hybridization between two bitterling fish species in their sympatric range and a river where one species is native and the other is introduced. PLoS ONE, 13: e0203423.