

# 三重県北勢地域における国内外来タビラ *Acheilognathus tabira* 類の確認と遺伝的特徴

伊藤 玄<sup>1</sup>・北村淳一<sup>2,3</sup>・野口亮太<sup>3</sup>・長太伸章<sup>4</sup>・古屋康則<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 〒 501-1193 岐阜市柳戸 1-1 岐阜大学教育学部

<sup>2</sup> 〒 514-0061 三重県津市一身田上津部田 3060 三重県総合博物館

<sup>3</sup> 〒 519-2143 三重県松阪市中万町 1281 NPO 法人流域環境保全ネットワーク

<sup>4</sup> 〒 305-0005 茨城県つくば市天久保 4-1-1 国立科学博物館人類研究部

(2020年9月8日受付; 2020年11月15日改訂; 2020年11月16日受理; 2021年1月17日J-STAGE 早期公開)

キーワード: タナゴ亜科魚類, mtDNA, 国内外来種, ミナミアカヒレタビラ, シロヒレタビラ

魚類学雑誌  
Japanese Journal of  
Ichthyology

© The Ichthyological Society of Japan 2021

Gen Ito\*, Jyun-ichi Kitamura, Ryota Noguchi, Nobuaki Nagata and Yasunori Koya. 2021. Records and genetic characteristics of exotic bitterling, *Acheilognathus tabira* subsp., from northern Mie Prefecture, Japan. *Japan. J. Ichthyol.*, 68(1): 47-52. DOI: 10.11369/jji.20-034.

**Abstract** Exotic populations of *Acheilognathus tabira* found in northern Mie Prefecture, and subjected to nucleotide sequencing of the mitochondrial DNA cytochrome *b* region, were determined to represent the Hokuriku (*A. t. jordani*) and Kinki-Sanyo (*A. t. tabira*) lineages. The first record of *A. t. jordani* from outside its native distribution area (Japan Sea side of western Honshu), it is likely to be a viable population due to the presence at the sampling site of the freshwater mussel *Beringiana fukuharai* (Unionidae, Cristariini), with which the former likely has a spawning relationship.

\*Corresponding author: Faculty of Education, Gifu University, 1-1 Yanagido, Gifu 501-1193, Japan (e-mail: sakurahayabusa6647@gmail.com)

コイ科タナゴ亜科 (Cyprinidae, Acheilognathinae) 魚類は、河川の中・下流域やため池、農業水路などに生息し、生きたイシガイ目二枚貝類の鰓内に産卵する特異的な繁殖生態をもつ小型の純淡水魚である (北村・内山, 2020)。婚姻色が多様で美麗であることから、飼育や釣りの対象としての人気が高い (熊谷, 2016)。そのことから、水産放流や私的放流に起源すると思われる非自然分布域への定着が全国各地で確認されており (熊谷, 2016)、その結果、自然分布域の個体群と移入された個体との交雑による遺伝的攪乱などの悪影響を及ぼしている (Kawamura et al., 2001; Miyake et al., 2011; 梅村ほか, 2012; 松葉ほか, 2014; Uemura et al., 2018; Tominaga et al., 2020)。

タナゴ亜科魚類の1種であるタビラ *Acheilognathus tabira* は、婚姻色、卵形、稚魚期の背鰭の黒斑の有無、自然分布域などから、アカヒレタビラ *A. t.*

*erythropterus*、キタノアカヒレタビラ *A. t. tohokuensis*、ミナミアカヒレタビラ *A. t. jordani*、シロヒレタビラ *A. t. tabira*、およびセボシタビラ *A. t. nakamurae* の5亜種に分類されている (Arai et al., 2007)。成魚におけるもっとも特徴的な分類形質として雄の臀鰭外縁の婚姻色があり、桃色から赤色を呈する前3亜種と、白色を呈する後2亜種に区別できるものの、その他の成魚の形態差は大きく重複するため (Arai et al., 2007)、地理的分布の違いが同定基準の一つとして用いられている (細谷, 2013; 北村・内山, 2020)。一方で、ミトコンドリア DNA (mtDNA) を用いた系統解析により、各亜種は明瞭に区別できる (Kitamura et al., 2012)。いくつかの亜種にはさらに地域系統も確認されており、ミナミアカヒレタビラについては、北陸地方と山陰地方の系統 (本論文ではそれぞれ、北陸系統、山陰系統と呼称) が、シロヒレタビラについては、近畿・山陽地方の1

系統(近畿-山陽系統)および東海地方の2系統(濃尾平野系統IとII)の合計3系統が認められている(Kitamura et al., 2012; 梅村ほか, 2012). 以上のように自然分布域ごとに遺伝的特徴が明瞭に分かれることから, mtDNAを用いた分子系統学的解析により, 現在までにシロヒレタビラ近畿-山陽系統およびキタノアカヒレタビラの他地域への人為的導入が確認されている(梅村ほか, 2012; 泉ほか, 2018).

著者らは, 2020年6月21日に三重県北勢地域に位置するため池直下の水路において, タビラ類を24個体採集した. 三重県は, シロヒレタビラの分布域であるが, 本調査地点が属する水系については, 過去にシロヒレタビラを確認した報告はない(名越, 1978; 樋口, 1980; 宮本ほか, 2001; 北村・内山, 2020). 現地ですべて予備的に外部形態を確認したところ, 臀鰭外縁が白色を呈する個体と桃色を呈する個体があり, シロヒレタビラのほか, 外来のタビラ類が定着している可能性が示唆された. そこで, mtDNAの塩基配列を解析したところ, 21個体がミナミアカヒレタビラ北陸系統, 3個体がシロヒレタビラ近畿-山陽系統であることが確認された. これまでにミナミアカヒレタビラが自然分布域外から報告されたことはなく, 新たな国内外来種の定着の例として, ここに詳細を報告する.

## 材料と方法

2020年6月21日に, 三重県北勢地域のため池の流下水路において, タビラ類の成魚24個体をタモ網により採集した. この際, 同所的に採集された魚類, イシガイ目二枚貝についても記録した. 採集したタビラ類については, いずれの個体もクローブオイルで麻酔した後, 右腹鰭の一部を99.5%エタノール中に浸漬し, DNAの抽出を行うまで $-80^{\circ}\text{C}$ の超低温フリーザ内で保管した. 残りの魚体は10%ホルマリンで固定後, 70%エタノールに置換し保存した. 写真撮影については, 採集直後とホルマリン固定後にそれぞれ行った(Fig. 1). 標本は, 三重県総合博物館に登録保管した(MIE-Fi2736-2759). なお, タビラ類は愛好家による人気が高く, 外来個体群といえども人為的な2次の拡散の恐れがあるため, 本論文では標本の採集地点の詳細は公表しない.

外部形態の計測は, 中坊・中山(2013)に従い, 細谷(2013)に基づき可能な限り亜種判別を行っ

た.

DNA抽出には, DNeasy Blood & Tissue Kit (キアゲン社)を用いた. mtDNAのシトクローム**b** (cyt *b*) 領域を対象としたPCR増幅と塩基配列の決定には, 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') のプライマー対(Kitanishi et al., 2016)を用いた. PCRおよびシーケンスについては, 伊藤ほか(2020)と同様のプロトコルで行った. 得られた両鎖の塩基配列については個体ごとに結合させて, 両鎖の不一致がないことを確認した上でDDBJ, EMBL, GenBankのデータベースに登録した(登録番号LC578847-LC578851).

比較のための多重整列には, CLUSTAL W(Thompson et al., 1994)を用いた. 系統樹には, Kitamura et al. (2012) および梅村ほか(2012)によるアカヒレタビラ(AB620143, AB620158), キタノアカヒレタビラ(AB620139, AB620140), ミナミアカヒレタビラ(AB620142, AB620149, AB620152, AB620156), シロヒレタビラ(AB620138, AB620141, AB620150, AB620159, AB759881-AB759890), セボシタビラ(AB620146, AB620154)の相同配列を用いた. 外群には, イチモンジタナゴ *A. cyanostigma* およびタナゴ *A. melanogaster* (AB620134, AB620136, Kitamura et al. 2012)の相同配列を用いた. 系統樹の推定は, MEGA X(Kumar et al., 2018)を用い, 最尤法によって行った. 赤池情報量基準(AIC)に基づいたモデルテストを行い, HKY+G+Iモデルを適用した. 各枝の信頼性については, 1000回のブートストラップ確率を求めた.

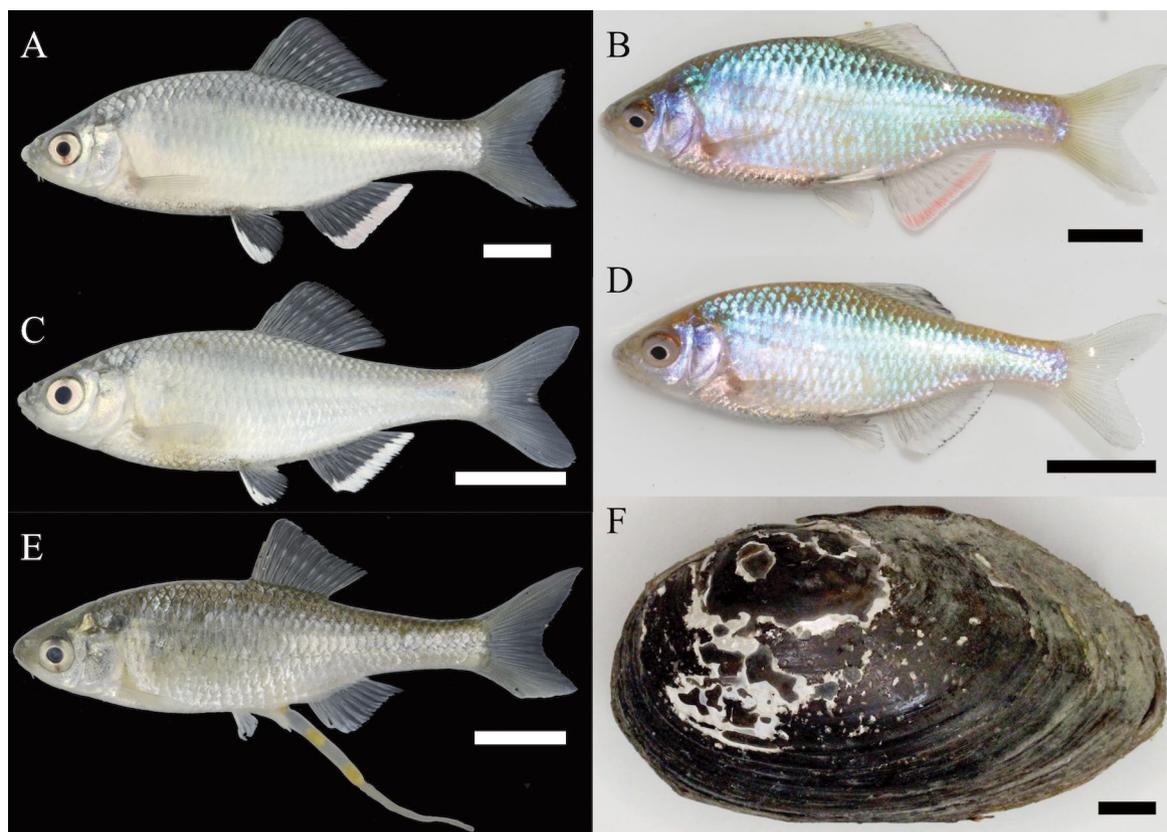
## 結 果

三重県北勢地域のため池から得られたタナゴ属魚類24個体の特徴は, 口ひげがあること, 体側に青色(生時)の1本の縦帯があり前端は腹鰭基部より後ろであること, 背鰭分枝軟条数が9-10本であることから, タビラの特徴と一致した. 採集された個体のうち5個体は, 臀鰭外縁に婚姻色を呈し, そのうち4個体が桃色を呈したことから(Fig. 1A, B), この4個体については現地でアカヒレタビラ, キタノアカヒレタビラ, ミナミアカヒレタビラのいずれかであると判断された. 残りの1個体は白色を呈し, 背鰭に赤色がないことから(Fig. 1C, D), この1個体についてはシロヒレタビラに同定された. なお, 採集された個体のうち, 完熟卵を持つ個体も2個体確認された(Fig. 1E).

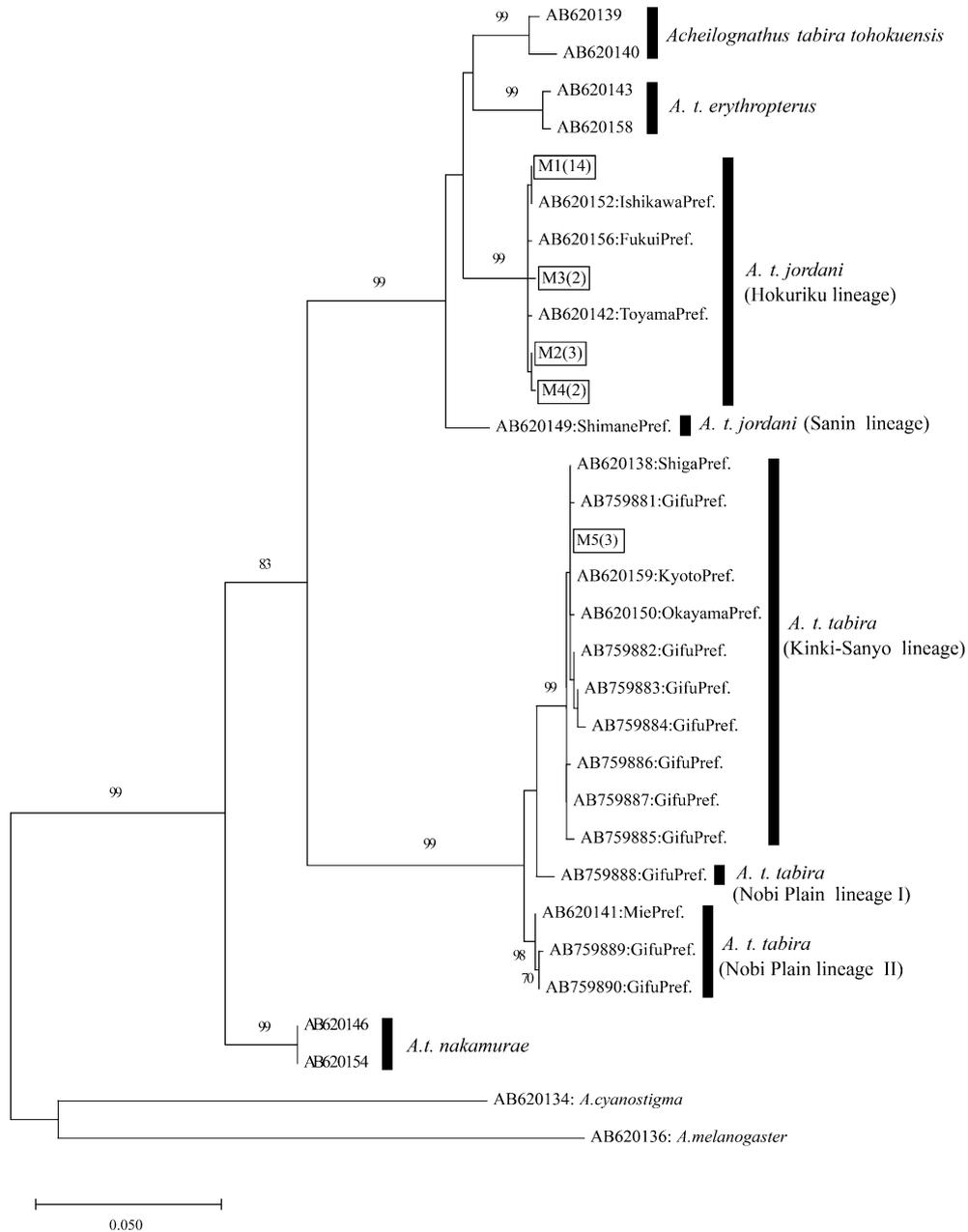
24 個体のタビラ類の mtDNA の *cyt b* 領域 1069 bp の塩基配列を決定した結果、5 種類のハプロタイプ (M1–M5) が得られた (Fig. 2). 得られたハプロタイプの塩基配列および、データベース上のタビラ類の塩基配列も含めて系統樹を推定したところ、4 種類のハプロタイプ (M1–M4) は、ミナミアカヒレタビラ北陸系統のクレードに内包され、1 種類のハプロタイプ (M5) は、シロヒレタビラ近畿–山陽系統のクレードに内包された (Fig. 2). ハプロタイプ M1 は、石川県柴山潟から得られたハプロタイプ (AB620152) と一致し、ハプロタイプ M5 は、京都府木津川および滋賀県琵琶湖から得られたハプロタイプ (AB620138, AB620159) と一致した。ハプロタイプ M2–M4 は本研究により新たに発見された。臀鰭外縁について桃色を呈した 4 個体は、ミナミアカヒレタビラのハプロタイプを有し、白色を呈した 1 個体はシロヒレタビラのハプロタイプを有していた。完熟卵を持っていた 2 個体は、ミナミアカヒレタビラ

のハプロタイプを有していた。

調査を行った水路からは、タビラ類のほか、アブラボテ *Tanakia limbata* (MIE-Fi2760–2763)、オйкаワ *Opsariichthys platypus* (MIE-Fi2764–2765)、カワムツ *Candidia temminckii* (MIE-Fi2766–2767)、モツゴ *Pseudorasbora parva* (MIE-Fi2768–2770)、アカザ *Liobagrus reinii* (MIE-Fi2771)、カワヨシノボリ *Rhinogobius flumineus* (MIE-Fi2772–2773) が採集され、イシガイ目カラスガイ族二枚貝のミナミタガイ *Beringiana fukuharai* も多数確認され、うち 1 個体 (Fig. 1F) は Sano et al. (2020) の手法を用いて遺伝子分析の同定によりミナミタガイであることを確認した (MIE-Sh32367, LC592282)。また、採集地点の直上のため池から、ミナミタガイと考えられるカラスガイ族二枚貝および、岸際で群れているタビラ類と考えられる少なくとも 100 個体以上の稚魚を目視によって確認した。



**Fig. 1.** *Acheilognathus tabira* collected from a ditch in Mie Prefecture, Japan. (A, B) Male *A. t. jordani* (MIE-Fi2758), (C, D) male *A. t. tabira* (MIE-Fi2749), (E) female *A. t. jordani* (MIE-Fi2736), identified on the basis of mtDNA sequencing, (A, C, E) specimen with fins erect, (B, D) fresh specimens, (F) purported host mussel *Beringiana fukuharai* (MIE-Sh32367). Scale bars indicate 10 mm. Photo by G. Ito (A–E) and I. Sano (F).



**Fig. 2.** Maximum likelihood tree of 1069 bp cytochrome *b* gene sequences of *Acheilognathus tabira* individuals from Mie Prefecture. Numbers at nodes indicate bootstrap probabilities > 70%. Number in *parentheses* indicate number of specimens. Specimens collected in this study indicated by open boxes. AB759881–B759887, collected in Gifu Prefecture, considered to have been introduced from Kinki-Sanyo region (Umemura et al., 2012).

## 考 察

### ミナミアカヒレタビラ北陸系統の移入由来

三重県北勢地域から得られたタビラ類のうち 21 個体については、ミナミアカヒレタビラ北陸系統の mtDNA をもつことが確認された。現在までに知られているミナミアカヒレタビラ北陸系統

の既知の分布域は、富山県、石川県、福井県であり（細谷，2019；北村・内山，2020），三重県の全域または一部河川の魚類相を報告した各文献（名越，1978；樋口，1980；宮本ほか，2001；淀ほか，2001；新田ほか，2014）からは、ミナミアカヒレタビラ（アカヒレタビラとしての情報も含む）は確認されていない。これらのことから、本

研究で確認された三重県北勢地域のミナミアカヒレタビラ北陸系統は、人為的に近年導入された国内外来個体群である可能性がきわめて高い。ミナミアカヒレタビラ北陸系統に含まれた4つのハプロタイプについて、ミナミアカヒレタビラの分布域を網羅した遺伝的集団構造解析（長太伸章・北村淳一、未発表）によって得られたハプロタイプと比較したところ、M2-M4は福井県大野市のみで確認されたハプロタイプと一致または1塩基違いであり、M1は大野市を含めた福井県および石川県から広く確認されているハプロタイプと一致した。また、福井県大野市では、天然記念物として保護されている太平洋系陸封型イトヨ *Gasterosteus aculeatus* subsp. の生息地や生物の採集を禁止する看板を設置しているため池などから、ミナミアカヒレタビラの採集目撃の情報が市教育委員会に複数報告されている（森 誠一、私信）。これらのことから、三重県北勢地域のため池のミナミアカヒレタビラは、福井県大野市から導入された可能性が強く示唆された。

#### シロヒレタビラ近畿－山陽系統の移入由来

本研究で得られたタビラ類のうち、3個体はシロヒレタビラ近畿－山陽系統の mtDNA をもつことが確認された。シロヒレタビラ近畿－山陽系統は、琵琶湖から岡山県にかけて分布する系統であり、三重県を含めた東海地方には、シロヒレタビラ濃尾平野系統 I と II が自然分布すると考えられている（梅村ほか、2012）。東海地方と近畿地方は、約 100 万年前に隆起した鈴鹿山脈により水系の接続が分断された。このことにより、シロヒレタビラは両地域に対応する系統に分岐したものと考えられている（梅村ほか、2012）。三重県のシロヒレタビラについては、近年では三重県南部の櫛田川水系からの確認に留まっており、ここでは濃尾平野系統 II および近畿－山陽系統が確認されているが、前者は自然分布する在来系統、後者は移入起源の外来系統であると考えられている（北村・内山、2020）。また、シロヒレタビラ濃尾平野系統 I と II の自然分布域である岐阜県からもシロヒレタビラ近畿－山陽系統が確認されている（梅村ほか、2012）。これらの事例についても、近畿－山陽系統は移入起源の外来系統であると判断されており、その由来として木曾川水系のダム湖については、琵琶湖産アユ *Plecoglossus altivelis altivelis* の水産放流に伴う随伴導入が、長良川水系の小河川においては、愛好家による放流の可能性が指摘

されている（梅村ほか、2012）。他にも、青森県岩木川水系などから、シロヒレタビラの外来個体群が確認されている（熊谷・萩原、2013）。これらのことから、本研究で確認されたシロヒレタビラ近畿－山陽系統についても、人為的移入による外来個体群である可能性がきわめて高い。

#### 集団の生息状況

本調査地点では、ミナミアカヒレタビラ北陸系統およびシロヒレタビラ近畿－山陽系統が同所的に確認された。本研究では、母系遺伝する mtDNA のみを分析し、核 DNA による父系の分析は行っていないことから、確認されたタビラ類はミナミアカヒレタビラとシロヒレタビラの交雑集団である可能性もある。本調査地点では、完熟卵を持つ雌のタビラ類が確認され、さらに、調査地点と直上のため池からミナミタガイが多数確認された。また、ため池では、目視ではあるがタビラ類とみられる稚魚が少なくとも 100 個体以上確認された。このことから、ため池においてタビラ類がミナミタガイを産卵母貝として利用し、再生産していると考えられる。このため池は、水路を経由して河川と接続している。この国内外来タビラ集団が河川へ侵入し、分布を拡大した場合には、流域における在来タナゴ類との間での産卵母貝を巡る競合や、在来淡水魚類との間での餌を巡る競争が起きる恐れがある。安易な放流は厳に止めなければならないだろう。

#### 謝 辞

本稿を執筆するにあたり、福井県大野市立本願清水イトヨの里の森 誠一館長には、貴重な情報をいただいた。東北大学の佐野 勲氏には、栗駒山麓ジオパーク学術研究等奨励事業の支援を受けて、採集標本（MIE-Sh32367）が遺伝子分析と形態によってミナミタガイであることの同定を行っていただいた。また、岐阜大学生命科学総合研究支援センターゲノム分野の皆様には、DNA 解析にご協力いただいた。ここに記し、厚くお礼申し上げます。

#### 引用文献

Arai, R., H. Fujikawa and Y. Nagata. 2007. Four new subspecies of *Acheilognathus* bitterlings (Cyprinidae; Acheilognathinae) from Japan. Bull. Natl. Mus. Nat. Sci.

- Ser. A Suppl., 1: 1–28.
- 樋口行雄. 1980. 三重県の淡水魚類相. 三重県立博物館研究報告, 自然科学, 2: 69–100.
- 細谷和海. 2013. コイ科. 中坊徹次 (編), pp. 33–137, 308–327. 日本産魚類検索全種の同定, 第三版. 東海大学出版会, 秦野.
- 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・古屋康則・堀池徳祐・向井貴彦. 2020. トウカイコガタスジシマドジョウの遺伝的集団構造. 魚類学雑誌, 67: 41–50.
- 泉 北斗・関根一希・小林健介. 2018. 埼玉県川島町の農業用水路におけるキタノアカヒレタビラ (*Acheilognathus tabira tohokuensis*) の採捕記録. 川博紀要, 18: 17–20.
- Kawamura, K., T. Ueda, R. Arai, Y. Nagata, K. Saitoh and H. Ohtaka. 2001. Genetic introgression by the rose bitterling, *Rhodeus ocellatus ocellatus*, into the Japanese rose bitterling, *R. o. kurumeus* (Teleostei: Cyprinidae). Zool. Sci., 18: 1027–1039.
- 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. J. Evol. Biol., 25: 566–573.
- 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.
- 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. Ichthyol. Res., 63: 506–518.
- 熊谷正裕. 2016. タナゴ類の放流と危機. 渡辺勝敏・森 誠一 (責任編集), pp. 86–90. 淡水魚保全の挑戦: 水辺のにぎわいを取り戻す理念と実践. 東海大学出版部, 平塚.
- 熊谷正裕・萩原富司. 2013. 青森県で確認されたアカヒレタビラ *Acheilognathus tabira erythropterus* とシロヒレタビラ *A. t. tabira*. 伊豆沼・内沼研究報告, 7: 17–22.
- Kumar, S., G. Stecher, M. Li, C. Knyaz and K. Tamura. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platform. Mol. Biol. Evol., 35: 1547–1549.
- 松葉成生・吉見翔太郎・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.
- Miyake, T., J. Nakajima, N. Onikura, S. Ikemoto, K. Iguchi, A. Komaru and K. Kawamura. 2011. The genetic status of two subspecies of *Rhodeus atremius*, an endangered bitterling in Japan. Conserv. Genet., 12: 383–400.
- 宮本敦史・水野裕輔・水野知巳. 2001. 三重県における淡水魚類, 特に希少魚類の分布状況. 三重県水産技術センター研究報告, 9: 57–67.
- 名越 誠. 1978. 三重県における淡水魚類の地理的分布. 淡水魚, 4: 12–17.
- 中坊徹次・中山耕至. 2013. 魚類概説. 中坊徹次 (編), pp. 3–30. 日本産魚類検索全種の同定, 第三版. 東海大学出版会, 秦野.
- 新田恭大・向井貴彦・淀 太我・吉岡 基. 2014. 三重県安濃川の魚類相. 三重大学大学院生物資源学研究所紀要, 40: 45–64.
- Sano, I., T. Saito, J.-I. Miyazaki, A. Shirai, T. Uechi, T. Kondo and S. Chiba. 2020. Evolutionary History and Diversity of Unionoid Mussels (Mollusca: Bivalvia) in the Japanese Archipelago. Plankton. Benthos. Res., 15: 97–111.
- Thompson, J. D., D. G. Higgins and T. J. Gibson. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic. Acids. Res., 22: 4673–4680.
- 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. Ichthyol. Res., 67: 105–116.
- 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. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0203423>.
- 梅村啓太郎・二村 凌・高木雅紀・池谷幸樹・向井貴彦. 2012. 岐阜県産シロヒレタビラにおける外来ミトコンドリア DNA の分布. 日本生物地理学会会報, 67: 169–174.
- 淀 太我・山下剛司・佐土哲也・武村 泉・木村清志. 2001. 三重県志摩地方の河川魚類相. 魚類学雑誌, 48: 27–40.