

神奈川県丹沢地域におけるイワナの遺伝的集団構造

齊藤高志^{1,2}、鷲尾明佳^{1,2}、下條麻衣^{1,2}、糸井史朗^{1,2}、金子裕明²、勝呂尚之^{2,3}、杉田治男^{1,2}（¹日大生物資源、²丹沢調査団、³神奈川県水技センター内水試）

【目的】近年、生物多様性維持の必要性が提唱されるようになり、地域固有の遺伝集団を維持する重要性が認識されつつあるが、資源利用や遊魚などの観点から人為的な移入が多々行われてきている。このような背景の下、在来個体群の保護は急を要し、神奈川県丹沢についてもその例に漏れない。そこで本研究では、イワナの丹沢個体群のハプロタイプを把握するとともに丹沢独自の個体群の検出を目指す。

【方法】養殖試料 5 個体および天然試料 13 個体、計 18 個体から全 DNA を抽出し、cytochrome *b* 遺伝子領域の部分塩基配列を決定した。決定されたハプロタイプの塩基配列を Yamamoto *et al.* (2004) のデータと比較し、既報の配列と比較することで丹沢個体の遺伝的位置付けの推定を試みた。

【結果】養殖試料 5 個体では 3 種類のハプロタイプが検出された。このうち、アメマス型が 3 個体ないし 4 個体である可能性が明らかとなった。表現型において、いずれもニッコウイワナ型とされる天然試料 13 個体についてハプロタイプ分析を行った結果、最も多く検出されたハプロタイプはヤマトイワナ型で報告されているハプロタイプと一致した。また養殖および天然イワナ間のハプロタイプの関係に着目すると、養殖個体で最も多く認められたハプロタイプは新潟県早川の試料と同一のハプロタイプと一致し、このハプロタイプは天然試料でも認められた。