

## D-loop 領域を指標とする神奈川県丹沢地域のカジカハプロタイプ分析

鷲尾明佳<sup>1,2</sup>、下条麻衣<sup>1,2</sup>、斉藤高志<sup>1,2</sup>、大力圭太郎<sup>1,2</sup>、糸井史朗<sup>1,2</sup>、金子裕明<sup>2</sup>、勝呂尚之<sup>2,3</sup>、杉田治男<sup>1,2</sup>（<sup>1</sup>日大生物資源、<sup>2</sup>丹沢調査団、<sup>3</sup>神奈川県水産技術センター内水試）

【目的】地域固有のハプロタイプの検出およびその構造を明らかにすることを目的とした調査の結果、多くの生物が河川環境の整備などによりその遺伝的多様性を失いつつあることが報告されている。神奈川県西部に位置する丹沢山地も例外ではない。本研究では、人為的な個体の移動が行われていないと考えられるカジカについて、丹沢個体群の集団構造を明らかにし、丹沢独自のハプロタイプの検出を目指した。

【方法】カジカは丹沢湖西側大又沢水系および丹沢湖北側の河内川支流から採取して分析した。採取した試料から全 DNA を抽出し、部分 D-loop 領域を増幅するプライマーを用いて PCR を行い、ダイレクトシーケンスおよび TA クローニングに供した後、塩基配列を決定した。決定した配列をデータベース検索し、既報の配列と比較することで丹沢個体群の遺伝的位置づけを推定した。

【結果および考察】丹沢湖西側大又沢水系から採取された個体の塩基配列を解析した結果、2 種類のハプロタイプが検出された。また、丹沢湖北側の河内川支流からは 1 種類のハプロタイプが検出され、大又沢水系のものと一致したため、丹沢湖西側および北側試料間にハプロタイプの違いがないことが示された。しかし、既報の配列と比較した結果、他地域のものとは明らかに異なることから、本調査で得られたカジカ試料は丹沢もしくは神奈川県周辺に固有のハプロタイプであることが示唆された。