

東日本におけるカジカの遺伝的集団構造

大力圭太郎・納谷聖実・高岡祐・鷲尾明佳・齊藤高志・糸井史朗（日大生物資源）・勝呂尚之（神奈川水技センター内水試）・杉田治男（日大生物資源）

【目的】カジカ *Cottus pollux* は商業的価値が低く、人為的放流が比較的少ない。そのため、本来の遺伝的集団構造を維持している可能性が高い。本研究では、東日本の河川に生息するカジカの地域個体群に着目し、ミトコンドリア DNA の部分 D-loop 領域を対象に解析を行って、その遺伝的集団構造を明らかにすることを目的とした。

【方法】カジカ試料は、秋田県米代川、岩手県北上川水系和賀川、山形県日向川、福島県阿武隈川水系逢瀬川、新潟県荒川、茨城県久慈川水系九隆川、栃木県那加川水系箒川、鬼怒川水系大谷川・湯西川、長野県信濃川水系千曲川、埼玉県荒川、東京都多摩川、神奈川県酒匂川水系世附川、静岡県狩野川の計 13 水系 14 河川から得られた各々 4～53 個体を分析に供した。腹鰭から全 DNA を抽出後、特異プライマーを用いて部分 D-loop 領域約 450 bp を PCR 増幅した。ダイレクトシーケンス法により当該領域の塩基配列を決定した後、分子系統解析を行った。

【結果】各地で採取したカジカ試料の部分 D-loop 領域の塩基配列を決定した結果、450 bp が決定され、同一水系内では 1～6 型のハプロタイプしか検出されず、多様度が極端に低いことが明らかとなった。決定した当該配列をデータベース検索により得た既知のカジカ属魚類の相同配列と共に系統解析に供したところ、南関東および北関東・東北の 2 集団に大きく分かれた。一部試料で例外はあるものの各河川で検出されたハプロタイプと個体群の系統関係は地理的分布を反映していた。また、狩野川の試料の一部からカジカ小卵型（ウツセミカジカ *Cottus reinii*）が検出された。