

多摩川におけるカジカ大卵型 *Cottus pollux*  
の遺伝的集団構造

大力圭太郎・末永朱・納谷聖実・高岡祐・鷲尾明佳・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】多摩川は高度成長期に、生活排水などの流入による水質の悪化により多くの生物が激減した。しかし 80 年代以降の下水道の整備や付近住民の環境意識の向上などによって水質が改善されたため、アユなどの生物が戻りつつある。カジカも例に漏れず、一時期激減したが、近年回復傾向にあるといわれている。そこで本研究では、多摩川で回復しているカジカ個体群の由来を明らかにするため、他河川の個体群と共にミトコンドリア DNA の部分 D-loop 領域の解析を行い、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】調査は、多摩川水系である奥多摩湖上流の丹波川、下流の多摩川本流、支流の秋川、北浅川に加え、米代川、北上川水系、最上川水系、阿武隈川水系、久慈川水系、那加川水系、利根水系、信濃川水系、荒川、酒匂川水系、狩野川など東日本の河川を中心に行った。各水系から 4～53 個体、計 405 個体を採取し、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 450 bp を解読した結果、多摩川水系からは 5 つのハプロタイプが検出された。これらのハプロタイプは、一部例外はあるものの他河川から検出されたハプロタイプとの共通性は認められなかった。そのため、多摩川で回復しているといわれているカジカは、在来の個体群の可能性が高いことが示唆された。