

# 日本産メバル体色変異 2 タイプの分子分類学

松岡 教理<sup>\*1</sup>・杉山 智昭<sup>\*2</sup>

<sup>\*1</sup> 弘前大学農学生命科学部分子進化学研究室

<sup>\*2</sup> 弘前大学大学院理学研究科

(2004年8月24日受付)

## 序 論

メバル (*Sebastes inermis*) は北海道南部から九州, 朝鮮半島の沿岸海域まで広範囲に分布しているカサゴ目・フサカサゴ科魚類の 1 種である。本種は水産資源として重要な種であり, 市場に広く流通し, 現在養殖化に向けての研究がなされている。メバルの主な形態学的特徴は, 体側に数本の不明瞭な暗色横帯が, また涙骨に鋭い 2 棘がある。魚類の中では珍しい卵胎生で 11 月頃に交尾を行い, 12 月から翌年の 1 月の間に受精する。その後, 4 ~ 5 mm の仔魚が 12 月から翌年の 2 月にかけて産出される。生息地は浅海の岩礁や, アマモ場, ガラム場で, 小型魚類, 端脚類, エビ類, カニ類, アミ類, 巻貝類を食べる食性を持つ。体長は 17 - 25 cm 位である。現在の分類体系では, このフサカサゴ科には 8 亜科が含まれており, 体色や鱗条数などの形態学的形質において種内の個体変異や地理的変異が極めて著しい分類群である。特にメバル亜科のメバル (*Sebastes inermis*) は, 従来から, 体色が黒色型 (Black - type), 赤茶色型 (Redbrown - type), 白色型 (White - type) の多型 (polymorphism) が知られており, これら 3 つのタイプは全て別種・独立種であるという説と, 同じ種の中の単なる色彩変異であるという説が対立してきた (eg. Matsubara, 1935; Chen, 1985; 中坊, 1997)。Fig. 1 には, 体色変異の黒色タイプ (Black - type) (上) と赤茶色タイプ (Redbrown - type) (下) の 2 タイプが示してある。従来, これらの体色変異 3 タイプは同一種であるという見解が主流であったが, 最近では, これら体色変異 3 タイプは, 3 つの独立種・同胞種であるという説が復活してきている。この体色変異の 3 タイプが, 単なる同一種内の色彩変異か, あるいは互いに遺伝的に分化した同胞種 (sibling species)・別種・独立種なのかという系統分類学の問題は, 魚類の系統分類学や水産学・漁業学において極めて重要な研究課題である。このような比較形態学では解明が困難な分類学の問題には分子系統学・分子分類学的研究が有効である (Nei, 1987)。開発されている多くの分子系統学的手法の中で, 形態学的に非常に酷似した近縁

種の遺伝的關係や, 分類学的に同種か, あるいは遺伝的に異なる別種・同胞種かを判別する分子的手法としては, アロザイム分析が極めて有効であることが Nei (1987) や Murphy *et al.* (1996) により報告されている。

以前, 著者は棘皮動物・ウニ類・ナガウニ科の沖縄産ナガウニ (*Echinometra mathaei*) に, 棘の色彩, 体色, 生態学的特徴・習性などにおいて互いに異なる 4 タイプが存在するが, これら 4 タイプは単なる種内変異ではなく, 遺伝的に異なる 4 つの同胞種 (sibling species)・独立種より構成されていることをアロザイム分析を用いて証明した (Matsuoka and Hatanaka, 1991)。また最近, 著者らは棘皮動物・ウニ類の中で原始的な分類群であるフクロウニ目のイイジマフクロウニには, 2 つの同胞種・別種, すなわちイイジマフクロウニ (*Asthenosoma ijimai*) とリュウキュウフクロウニ (*A. ijimai R*) が存在することをアロザイムレベルから分子系統学的に証明した (Matsuoka *et al.*, 2004)。さらに, 同じ棘皮動物のヒトデ類・イトマキヒトデ科のイトマキヒトデ (*Asterina pectinifera*) 集団に見られる 3 つの体色変異型 (Blue - type, Green - type, Red - type) の分子分類学的研究についても報告した (Matsuoka and Asano, 1999)。

本研究では, 日本産メバル (*Sebastes inermis*) の体色変異 2 タイプ (黒色タイプ: Black - type と赤茶色タイプ: Redbrown - type) (Fig. 1) が, アロザイムレベルでどの程度の遺伝的分化を遂げているのか, そしてこれら 2 タイプが系統分類学的にみて, 遺伝的に異なる別種・同胞種なのか, あるいは単なる同一種内の色彩変異・個体変異なのかを解明するため, アロザイム分析を行ったので, それらの結果について報告する。

## 材料および方法

アロザイム分析したメバル体色変異 2 タイプの採集地点と分析個体数を以下に示す。黒色タイプ (Black - type) は, 青森県陸奥湾・9 個体, 深浦・2 個体, 福井県敦賀・3 個体の合計 14 個体で, 赤茶色タイプ (Redbrown - type) は, 青森県陸奥湾・11 個体, 鮭ヶ沢・2 個体,

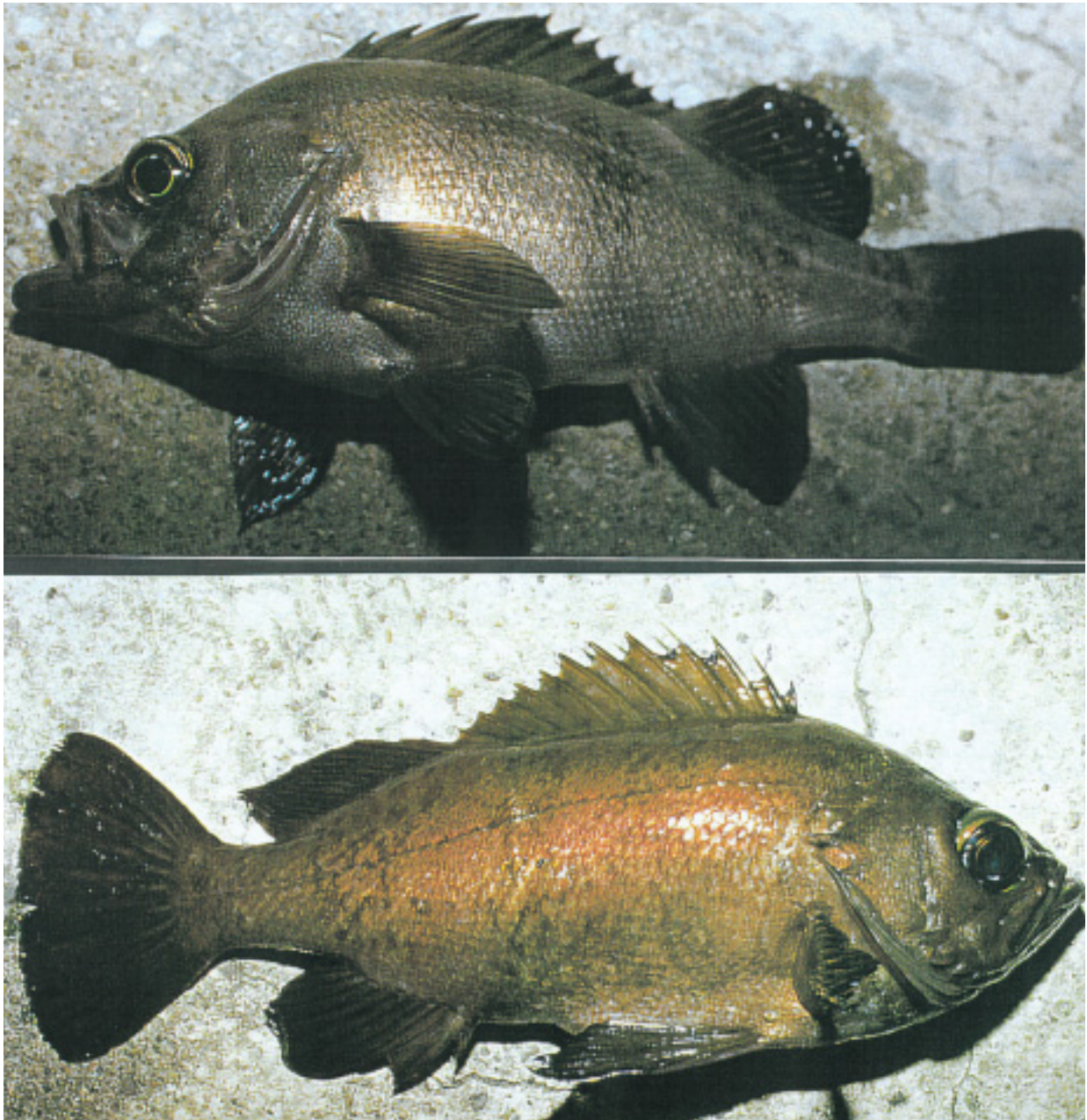


Fig. 1. Two types of body color in the fish *Sebastes inermis* from Japanese waters. The upper color photograph is the black-type and the lower the redbrown-type.

深浦・1個体の合計14個体であった。これらは、採集後ドライアイスで急速冷凍し、その後、実験室の-45℃の冷凍庫に凍結保存しておいた。アロザイム分析は、以前報告した Matsuoka and Hatanaka (1991), 松岡・北野 (2003) の方法に従った。

アロザイム分析した酵素は、alcohol dehydrogenase (ADH) lactate dehydrogenase (LDH) hydroxybutyrate dehydrogenase (HBDH) malate dehydrogenase (MDH) isocitrate dehydrogenase (ICDH) 6-phosphogluconate dehydrogenase (6PGD) glucose-6-phosphate dehydrogenase (G6PD) fructose dehydrogenase (FDH) xanthin dehydrogenase (XDH) superoxid dismutase (SOD) aspartate amino

transferase (AAT) phosphoglucomutase (PGM) esterase (EST) alkaline phosphatase (ALK) leucine amino transferase (LAP) fumarase (FUM) の16酵素であった。これら16酵素のアロザイム分析から25酵素遺伝子座が検出された。

魚類の分子集団遺伝学的研究の一環として、メバル体色変異2タイプ集団内の遺伝的変異(タンパク多型現象)を調査した。用いたパラメータは、1遺伝子座あたりの対立遺伝子数(Number of alleles per locus:  $A$ )、多型的遺伝子座の割合(Proportion of polymorphic loci:  $P$ )、平均ヘテロ接合体率の期待値(Expected value of average heterozygosity:  $H$ )の3指数であり、これらは対立遺伝子頻度のデータから算出した。

Table 1. Allele frequencies at 25 genetic loci in two body color types of *Sebastes inermis*.

Locus	Allele	B-type	R-type	Locus	Allele	B-type	R-type
<i>Adh-1</i>	a	1.00	1.00	<i>Fdh</i>	a	1.00	1.00
<i>Adh-2</i>	a	1.00	1.00	<i>Xdh</i>	a	1.00	1.00
<i>Adh-3</i>	a	1.00	1.00	<i>Sod-1</i>	a	1.00	1.00
<i>Ldh-1</i>	a	1.00	1.00	<i>Sod-2</i>	a	1.00	1.00
<i>Ldh-2</i>	a	1.00	1.00	<i>Sod-3</i>	a	1.00	1.00
<i>Ldh-3</i>	a	0.86	1.00	<i>Aat</i>	a	1.00	1.00
	b	0.14	-				
<i>Hbdh</i>	a	1.00	1.00	<i>Pgm</i>	a	1.00	1.00
<i>Mdh-1</i>	a	0.14	-	<i>Est</i>	a	1.00	1.00
	b	0.86	1.00				
<i>Mdh-2</i>	a	1.00	1.00	<i>Alk</i>	a	1.00	1.00
<i>Icdh</i>	a	1.00	1.00				
<i>6Pgd</i>	a	1.00	1.00	<i>Lap-1</i>	a	0.71	1.00
<i>G6pd-1</i>	a	0.77	0.79		b	0.29	-
	b	0.23	0.21	<i>Lap-2</i>	a	0.79	0.82
<i>G6pd-2</i>	a	1.00	1.00		b	0.21	0.18
				<i>Fum</i>	a	1.00	1.00

Alleles are correspondingly lettered from "a", with increasing the electrophoretic mobility. B-type is the black-type and R-type the redbrown-type in *Sebastes inermis*.

メバル体色変異2タイプ間の遺伝的分化の程度を推定するため、以下の4種類のパラメータを用いた。すなわち、(1)25酵素遺伝子座における対立遺伝子頻度に有意差があるのかどうかを調べるための  $t$ -検定、(2)変異(多型)が観察された遺伝子座における固定指数(Fixation index:  $F_{st}$ )、(3)2タイプ間の相対的な遺伝的分化を推定するための遺伝子分化係数(Coefficient of gene differentiation:  $G_{st}$ )、(4)相対的な遺伝的分化ではなく、2タイプ間の遺伝的分化の絶対値を推定するためによく用いられる Nei (1972, 1976) の遺伝的類似度(Genetic identity:  $I$ )、標準遺伝的距離( $D_{std}$ )、最小遺伝距離( $D_m$ )を算出した。

### 結果および考察

まず最初に、海産魚類の分子集団遺伝学的研究の一環として、メバル体色変異2タイプ集団(Black-type = B, Redbrown-type = R)内の遺伝的変異(タンパク多型現象)の程度を対立遺伝子頻度から算出した。その結果、1遺伝子座あたりの対立遺伝子数( $A$ )は、 $B = 1.20$ ,  $R = 1.08$ , 多型的遺伝子座の割合( $P$ )は、 $B = 20\%$ ,  $R = 8\%$ , 平均ヘテロ接合体率(期待値)( $E_{exp}$ )は、 $B = 6.3\%$ ,  $R = 2.5\%$ であった。これらの数値は他の多くの

魚類で報告されている数値と同等なものであった(松岡・北野, 2003)。

メバル体色変異2タイプ(黒色タイプ, 赤茶色タイプ)の遺伝的分化を調査するため、16酵素のアロザイム分析を行った。その結果、25酵素遺伝子座が検出された。Table 1には25酵素遺伝子座における対立遺伝子頻度が示してある。25酵素遺伝子座の内、2タイプ間で対立遺伝子頻度に差異がみられた多型的遺伝子座(polymorphic loci)は、*G6pd-1*, *Mdh-1*, *Lap-1*, *Lap-2* および *Ldh-3* の5遺伝子座であり、残りの20酵素遺伝子座は単型的遺伝子座(monomorphic loci)で、同一の対立遺伝子(allele)が固定されていた。まず最初に、これら5多型的遺伝子座における相対的遺伝的分化の程度を推定するため、各遺伝子座について固定指数( $F_{st}$ )を算出した。また2タイプ間で対立遺伝子頻度に有意差があるのかどうかを調べるため、統計学的な  $t$ -検定を行った。 $F_{st}$  は集団の分集団間の遺伝的分化をヘテロ接合体率の期待値と観察値の差から推定するパラメータである。通常、 $F_{st}$  が0.25以上では非常に高度な分化、0.15~0.25では高度な分化、0.05~0.15では中程度の分化、0.05以下ではほとんど分化していないことを示す。今回のアロザイム分析の結果、*G6pd-1* ( $F_{st} = 0.0006$ )と *Lap-2* ( $F_{st} = 0.020$ )の2遺伝子座では、ほとんど遺伝的分

Table 2. Genetic coefficients ( $G_{st}$ ) in various fish species

Species	$G_{st}$	References
<i>Nibe mitsukurii</i>	4.30	Menezes <i>et al.</i> (1990)
<i>Nibe albiflora</i>	9.00	Menezes <i>et al.</i> (1991)
<i>Pennahia argentata</i>	2.10	Menezes <i>et al.</i> (1992)
<i>Clupea harengus</i>	1.40	Anderson <i>et al.</i> (1981)
	1.25	Grant (1984)
<i>Clupea pallasii</i>	15.90	Grant <i>et al.</i> (1984)
<i>Gadus morhus</i>	8.00	Grant <i>et al.</i> (1988)
<i>Gadus macrocephalus</i>	22.00	Grant <i>et al.</i> (1987)
<i>Merluccius capensis</i>	1.70	Grant <i>et al.</i> (1988)
<i>Merluccius paradoxus</i>	1.30	Grant <i>et al.</i> (1988)
<i>Stegastes fasciolatus</i>	0.90	Shaklee (1984)
<i>Hypsoblennius jenkinsi</i>	15.70	Present (1987)
<i>Salmo trutta</i>	36.70	Ryman (1983)
<i>Oncorhynchus mykiss</i>	15.00	Ryman (1983)
<i>Oncorhynchus nerka</i>	5.80	Ryman (1983)
<i>Oncorhynchus keta</i> (America)	0.50	Okazaki (1982)
<i>Oncorhynchus keta</i> (Japan)	1.00	Okazaki (1982)
<i>Plecoglossus altivelis</i>	13.70	Seki <i>et al.</i> (1988)
<i>Hypentelium etowanum</i>	8.90	Buth (1980)
<i>Hippoglossus stenolepis</i>	0.40	Grant <i>et al.</i> (1984)
Mean (Range)	8.28 (0.40-36.70)	
B-type : R-type	0.041	Present study

化は見られず,  $Mdh - 1$  ( $F_{st} = 0.075$ ) と  $Ldh - 3$  ( $F_{st} = 0.075$ ) の 2 遺伝子座では, 中程度の遺伝的分化が見られた。残りの  $Lap - 1$  の 1 遺伝子座でのみ,  $F_{st} = 0.193$  の高い数値が得られた。また対立遺伝子頻度の  $t$ -検定を行った結果, 危険率 = 1% で, 対立遺伝子頻度に有意差が見られたのは,  $Lap - 1$  の 1 遺伝子座のみであった。

次に, メバル体色変異 2 タイプ間の遺伝的分化の程度を  $F_{st}$  以外の各種のパラメータを用いて推定した。 $F_{st}$  は, ある特定の遺伝子座における遺伝的分化の程度を推定する 1 つの指標であるが, 生物集団間の遺伝的分化を推定するには, ゲノム全般にわたる解析が必要である。その指標の一つとして遺伝子分化係数 ( $G_{st}$ ) がある。これは分析した遺伝子座全体における相対的な遺伝的分化の程度を示す指標であり, 平均ヘテロ接合体率を集団全体 ( $H_t$ ) と部分集団 ( $H_s$ ) の 2 成分に分割して算出することができる。つまり,  $G_{st}$  は全体の遺伝的変異の内, 部分集団間の違いにより生じた変異の割合を示す指標である。メバル体色変異 2 タイプ間で得られた  $G_{st}$  は 0.041 であった。この数値はメバル体色変異 2 タイプの遺伝的変異の大部分はメバル全集団内に存在し, 2 タイプ間 (部分集団間) の変異は全体の 4% 程度に過ぎないことを意味している。 $G_{st} = 0.041$  は, ヒトの 3 大人種間の  $G_{st} = 0.088$  の 1/2 以下の数値であり, ほとんどの生物種では  $G_{st}$  が 0.1 より低い。Table 2 には, これまでに報告された様々な魚類集団の  $G_{st}$  がまとめて示してある。今回, メバル体色変異 2 タイプ間で得られた数値 ( $G_{st} = 0.041$ ) を, これらの値と比較すると, オヒョウ (*Hippoglossus*

*stenolepis*) の 0.40 からブラウントラウト (*Salmo trutta*) の 36.7 までの範囲で, 平均値が  $G_{st} = 8.28$  である。ブラウントラウトで  $G_{st}$  が高い数値を示したのは, 母川回帰による河川集団間の地理的な遺伝的分化がかなり進行しているためであると推察される。また, 系統分類学的に別種とされているニシン 2 種のデータでは, 大西洋ニシン (*Clupea harengus*) は,  $G_{st} = 1.40, 1.25$  であるのに対し, 太平洋ニシン (*Clupea pallasii*) では  $G_{st} = 15.9$  と極めて高い数値を示している。これは広範囲な分布域を持つ太平洋ニシン (*Clupea pallasii*) が多くの遺伝的に分化した系統群 (地域集団) から構成されていることに起因すると推察される。今回分析したメバル体色変異 2 タイプ間で得られた  $G_{st} = 0.041$  は, 様々な魚類集団で報告されている  $G_{st}$  値よりもかなり低い値であり, メバル体色変異 2 タイプ間では, ほとんど相対的な遺伝的分化が生じていないと推定される。しかし,  $G_{st}$  は部分集団間の相対的な遺伝的分化を知るには適切なパラメータであるが, 遺伝的分化の絶対量を推定することはできない。つまり,  $G_{st}$  は  $H_t$  に強く依存し,  $H_t$  が小さい時には, たとえ絶対的な遺伝的分化が小さくても,  $G_{st}$  値は大きくなる可能性がある。従って,  $G_{st}$  値だけで遺伝的分化の程度を推定するには不十分である。

そこで次に, メバル体色変異 2 タイプ間の遺伝的分化の程度をより詳細に知るため, Nei (1972, 1976) の遺伝的類似度 ( $I$ ), 標準遺伝距離 ( $D_{std}$ ), 最小遺伝距離 ( $D_m$ ) を算出した。その結果, 2 タイプ間では,  $I = 0.995$ ,  $D_{std} = 0.005$ ,  $D_m = 0.005$  という数値が得られた。 $D_m$  は

Table 3. Genetic distances (*Dstd*) between conspecific local populations in various fish species

Species	<i>Dstd</i>	References
<i>Clupea pallasii</i>	0.0031	Kijima (1992)
<i>Saurida undosquamis</i>	0.0015	Kijima (1992)
<i>Pagrus major</i>	0.0020	Kijima (1992)
<i>Acanthopagrus schlegelii</i>	0.0009	Kijima (1992)
<i>katsuwonus pelamis</i>	0.0003	Kijima (1992)
<i>Sebastes schlegelii</i>	0.0002	Kijima (1992)
<i>Sebastes marmoratus</i>	0.0077	Kijima (1992)
<i>Paralichthys olivaceus</i>	0.0006	Kijima (1992)
<i>Nibea mitsukurii</i>	0.0067	Menezes <i>et al.</i> (1990)
<i>Nibea albiflora</i>	0.0065	Menezes <i>et al.</i> (1990)
<i>Pennahia argentata</i>	0.0014	Menezes <i>et al.</i> (1990)
<i>Clupea harengus</i>	0.0020	Anderson <i>et al.</i> (1981)
<i>Gadus morhua</i>	0.0220	Grant <i>et al.</i> (1988)
<i>Gadus macrocephalus</i>	0.0250	Grant <i>et al.</i> (1987)
<i>Merluccius capensis</i>	0.0007	Grant <i>et al.</i> (1988)
<i>Merluccius paradoxus</i>	0.0006	Grant <i>et al.</i> (1988)
<i>Oncorhynchus keta</i>	0.0021	Okazaki (1982)
<i>Plecoglossus altivelis</i>	0.0197	Seki <i>et al.</i> (1988)
<i>Hypentelium etowanum</i>	0.0050	Buth (1980)
<i>Hypentelium nigricans</i>	0.0210	Buth (1980)
<i>Hypentelium roanokense</i>	0.0270	Buth (1980)
<i>Hippolossus stenolepis</i>	0.0002	Grant <i>et al.</i> (1984)
Mean (Range)	0.0071 (0.0002 - 0.0270)	
B-type : R-type	0.0050	Present study

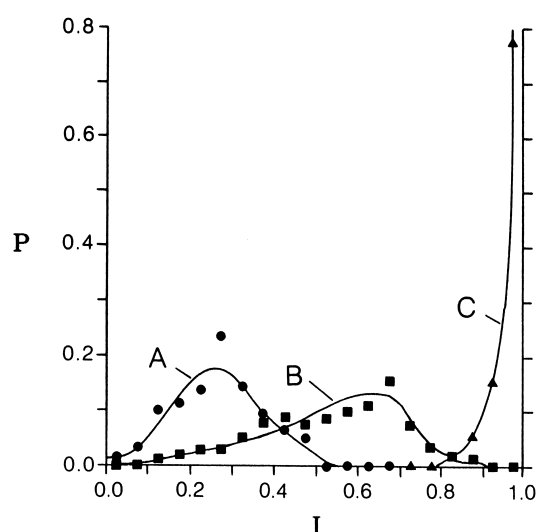


Fig. 2. Distributions of the Nei's genetic identity (*I* value) for confamilial genera (A), congeneric species (B), and conspecific populations (C) excluding data from birds. This figure was quoted from Thorpe (1982)

*Dstd* に対して、2 集団間の最小コドン差数を推定するものである。*Dstd* と *Dm* が等しい値を示したことは、これらがそれぞれコドン置換数の不偏推定をおこなっているためである。Table 3 には、他の多くの魚類の地域集団間で報告されている標準遺伝距離 (*Dstd*) をまとめて示したものである。この Table 3 から明らかのように、*Dstd* は 0.0002 ~ 0.0270 までの範囲で、平均値は 0.0071 である。これらの数値と比較して、メバル体色変異の 2

タイプ間で得られた *Dstd* = 0.005 は同一種内の地理的集団間で観察されている数値と同等な値であった。以前、Matsuoka and Hatanaka (1991) が報告したように、遺伝的に分化した同胞種 (sibling species)・別種では、遺伝的類似度 (*I*) が、*I* = 0.8 ~ 0.9 の数値を示す。Thorpe (1982) は、様々な動物種について、それらの形態学に立脚した分類学的位置と、アロザイム分析から得られた遺伝的類似度 (*I*) との相関関係を詳細に調査した。その

結果は Fig. 2 に示してある。これより明らかなように、分類学的ランクと遺伝的類似度 ( $I$ ) との間には正の相関関係が成立することが判明した。また Thorpe (1982) は、外部形態が極めて類似しており別種か同一種かどうか疑わしい異所的集団で、遺伝的類似度 ( $I$ ) が 0.85 以下の時はそれらは同一種と考えるべきではなく、また逆に分類学上別種とされていても  $I$  が 0.85 以上で、その他に別種とする他の知見が見当たらない場合には別種扱いすべきではないと報告している。これまでに述べた、対立遺伝子頻度データからの遺伝子組成の類似性、固定指数 ( $F_{st}$ )、遺伝子分化係数 ( $G_{st}$ )、遺伝的類似度 ( $I=0.995$ )、遺伝的距離 ( $D=0.005$ ) などの各種パラメータから推察すると、メバル体色変異の 2 タイプは遺伝的に異なる別種・同胞種ではなく、同一種内の色彩変異であると推定される。

藤尾 (1986) は、日本産メイトガレイ属の 1 属 1 種であるメイトガレイ (*Pleuronchthys cornutus*) の体色や側線分岐パターンがわずかに異なる 2 タイプ間の系統分類学的・遺伝的関係をアロザイム分析により詳細に調査した。その結果、分析した 20 酵素遺伝子座のうち 8 遺伝子座において 2 タイプ間で全く異なる対立遺伝子が固定されていることが判明した。これらの分子分類学的研究から、メイトガレイの 2 タイプ間には遺伝子交流 (gene flow) がなく、同所的 (sympatric) でありながら、それぞれ独立した繁殖集団を形成しており、日本産メイトガレイは遺伝的に異なる 2 つの独立種・別種から構成されていることが明らかになった。この藤尾 (1986) の研究結果と比較して、本研究のメバル体色変異 2 タイプでは、遺伝子座で異なる対立遺伝子の固定は全く見られず、また遺伝的類似度 ( $I$ )・遺伝距離 ( $D$ )・遺伝子分化係数 ( $G_{st}$ ) から推定しても 2 タイプ間には生殖的隔離はなく、互いに gene-pool を共有した同一種の種内変異であると推察される。

マダイ (*Pagrus major*) やマアジ (*Trachurus japonicus*) で観察されるように、遺伝的变化を全く伴わずに、人為的な養殖下に置かれると、やがて体色や体型などの外部形態に明らかな変化が出現することが報告されている (Kitajima, 1978; Matsumiya *et al.*, 1984; Yokogawa *et al.*, 1989)。特に、赤色のマダイは浅い生簀の中で飼育されると太陽光線により体色が黒ずんでくるのが一般に知られている。メバルの体色変異 2 タイプも生息深度や餌などの様々な環境要因により遺伝的分化をほとんど伴わずに出現した色彩変異であると推察される。メバル体色変異 2 タイプが構造遺伝子の分化を伴わない同一種内の色彩変異であるとする、そのような体色の色彩多型が存在することの生物学的意味は一体何なのか、また色彩変異をもたらす調節遺伝子の分化に関する問題などは今後に残された重要な研究課題であると思われる。

## 要 約

日本近海でごく普通に見られるフサカサゴ科魚類のメバル (*Sebastes inermis*) には著しい体色変異・色彩変異が観察される。これらの体色変異型が、互いに遺伝的に異なる別種・同胞種なのか、あるいは同一種内の色彩変異・多型現象なのかについては研究者間で見解の相違があり未だ不明である。そこで、著者らはメバル体色変異の 2 タイプ (黒色タイプ・赤茶色タイプ) の系統分類学的・遺伝的関係を明確にするため、アロザイム分析を用いた分子分類学的研究を行った。16 酵素のアロザイム分析から 25 酵素遺伝子座が検出された。メバル体色変異 2 タイプ間の遺伝的分化の程度を推定するため、5 つのパラメータを用いた。すなわち、対立遺伝子頻度の統計学的差異の有無を調べる  $t$ -検定、固定指数 ( $F_{st}$ )、相対的な遺伝的分化の尺度である遺伝子分化係数 ( $G_{st}$ )、遺伝的分化の絶対値を示す Nei (1972, 1976) の標準遺伝的距離 ( $D_{std}$ ) と遺伝的類似度 ( $I$ ) を算出した。その結果、対立遺伝子頻度は  $t$ -検定を行っても有意差は見られず、対立遺伝子組成に違いは無かった。また遺伝子分化係数は、 $G_{st}=0.041$ 、遺伝的類似度 ( $I$ ) は、 $I=0.995$ 、標準遺伝距離は、 $D_{std}=0.005$  であった。これらのパラメータは、他の多くの魚類や動物群での数値と比較した時、遺伝的に分化した別種・同胞種で観察される数値よりもかなり低い値であり、同一種内の地理的集団間での数値と同等な値であった。これらの分子分類学的研究より、メバル体色変異 2 タイプ (黒色タイプと赤茶色タイプ) は遺伝的に異なる別種・同胞種ではなく、同一種内の色彩変異・多型現象であることが判明した。今後、この色彩変異の生物学的意味の解明が望まれる。

## 引 用 文 献

- ANDERSON, L., RYMAN, N., ROSENBERG, R. and STAHL, G. (1981) Genetic variability in Atlantic herring (*Clupea harengus*): Description of protein loci and population data. *Hereditas*, 95: 69-78.
- AYALA, F. J., TRACY, M. L., BARR, L. G., MCDONALD, J. F. and PERZ-SALAS, S. (1974) Genetic variation in natural populations of five *Drosophila* species and the hypothesis of the selective neutrality of protein polymorphism. *Genetics*, 77: 343-384.
- BUTH, D. G. (1980) Evolutionary genetics and systematic relationships in the catostomid genus *Hypentelium*. *Copeia*, 1980 (2): 280-290.
- CHEN, L. C. (1985) A study of the *Sebastes inermis* species complex, with delimitation of the subgenus *Mebarus*. *Journ. Taiwan Museum*, 38 (2): 23-37.
- 藤尾芳久 (1986) アロザイム分析手法による魚介類の遺伝的特性の解明に関する研究。昭和 60 年度農林水産業特別試験研究補助金による研究報告書, 1-30.
- GRANT, W. S. (1984) Biochemical population genetics of Atlantic herring, *Clupea harengus*. *Copeia*, 1984 (2): 357-364.

- GRANT, W. S., TEEL, D. J. and KOBAYASHI, T. (1984) Biochemical population genetics of pacific halibut (*Hippoglossus stenolepis*) and comparison with Atlantic habitat (*H. hippoglossus*). *Can. J. Fish. Aqu. Sci.*, 41 : 1083-1088.
- GRANT, W. S., ZHANG, C. I., KOBAYASHI, T. and STAHL, G. (1987) Lack of genetic stock discreption in Pacific cod (*Gadus macrocephalus*). *Can. J. Fish. Aqu. Sci.*, 44 : 490-498.
- GRANT, W. S., BECKER, I. I. and LESLIE, R.W. (1988) Evolutionary divergence between sympatric species of southern African hake, *Merluccius capensis*. *Heredity*, 61 : 13-20.
- JOHNSON, W. E. and SELENDER, R. K. (1971) Protein variation and systematics in kangaroo rats (*genus Dipodomys*). *Syst. Zool.*, 20 : 377-405.
- 木島明博 (1992) アイソザイム遺伝子からみた海産魚類の集団構造, *科学と生物*, 29(9) : 610-612.
- KITAJIMA, C. (1978) Acquisition of fertilized eggs and massculture of juveniles of red sea bream, *Pagrus major*. *Special Rep. Nagasaki Pref. Int. Fish.*, 1-92.
- MATSUBARA, K. (1935) Studies on the Scorpaenoid fishes of Japan. II. Stastical observations on *Sebastes inermis* (C.et V). *Bull. Jap. Soc. Scient. Fish.*, 4(4) : 217-223.
- MATSUMIYA, Y., KANAMARU, H. OKA, M. and TATEISHI, M. (1984) Morphometric comparison between artificially-released red sea bream and O-age wild fish. *Bull. Japan. Soc. Sci. Fish.*, 50(7) : 1173-1178.
- MATSUOKA, N. and ASANO, H. (1999) Molecular taxonomic study on the variation of body color in the starfish *Asterina pectinifera*. *Bull. Fac. Agric. & Life Sci. Hirosaki Univ.*, No. 1 : 1-8
- MATSUOKA, N. and ASANO, H. (2003) Genetic variation in northern Japanese populations of the starfish *Asterina pectinifera*. *Zool. Sci.*, 20 : 985-988
- 松岡教理・北野 誉 (2003) アロザイム変異からみたキュウリウオ科の遺伝的分化. 弘前大学農学生命科学部学術報告, No. 6 : 40-48.
- MATSUOKA, N., KOHYAMA, K., ARAKAWA, E. and AMEMIYA, S. (2004) Molecular evidence of two sibling species within the echinothurioid echinoid *Asthenosoma ijimai* from Japanese waters. *Zool. Sci.*, 21 : 1057-1061
- MATSUOKA, N. and HATANAKA, T. (1991) Molecular evidence for the existence of four sibling species within the sea-urchin, *Echinometra mathaei* in Japanese waters and their evolutionary relationships. *Zool. Sci.*, 8(1) : 121-133.
- MENEZES, M. R., TANIGUCHI, N. and SEKI, S. (1990) Degree of intraspecific genetic divergence and variability in three sciaenid species. *Japan J. Ichthyol.*, 37(1) : 39-48.
- MURPHY, R.W., SITES, J.W., BUTH, P.G. and HAUFLE, C.H. (1996) Protein : Isozyme Electrophoresis. In *Molecular Systematics* (Edited by Hills, D.M., Moritz, C. and Mable, D.K.) pp. 51-120, Sinaur Associates, MA, USA.
- 中坊徹次 (1997) 新さかな図鑑 (小西英人編), pp. 44-48, 釣りサンデー, 大阪.
- NEI, M. (1972) Genetic distance between populations. *Am. Nat.*, 106 : 283-292.
- NEI, M. (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89 : 583-590.
- NEI, M. (1990) *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, NY.
- OKAZAKI, T. (1982) Genetic study on population structure in chum salmon (*Oncorhynchus keta*). *Bull. Far. Seas Fish. Res. Lab.*, 19 : 25-116.
- Present, T.M.C. (1987) Genetic differentiation of disjunct Gulf of California and Pacific outer coast populations of *Hypsobglennius jenkinsi*. *Copeia*, 1987(4) : 1010-1024.
- RYMAN, N. (1983) Patterns of distribution of biochemical genetic variation in salmonid differences between species. *Aquaculture*, 33 : 1-21.
- SEKI, S., TANIGUCHI, N. and Jeon, S. (1988) Genetic divergence among natural populations of ayu from Japan and Korea. *Nippon Suisan Gakkaishi*, 54(4) : 559-568.
- SHAKLEE, J. B. (1984) Genetic variation and population structure in the damselfish, *Stegastes fasciolatus*, throughout the Hawaiian Archipelago. *Copeia*, 1984(3) : 629-640.
- THORPE, J. P. (1982) The molecular clock hypothesis : Biochemical evolution, genetic differentiation, and systematics. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, 13 : 139-169.
- WHITTAM, T. S., OCHMAN, H. and Selender, R. K. (1983) Geographic components of linkage disequilibrium in natural populations of *Escherichia coli*. *Mol. Biol. Evol.* 1 : 67-83.
- YOKOGAWA, K., TANIGUCHI, N. and MUKAI, T. (1989) Morphological and genetic differences between Japanese and Korean black rockfish *Sebastes inermis*. *Bull. Mar. Sci. Fish., Kochi Univ.*, 11 : 89-94.

## Molecular Taxonomy of two different types of body color in the fish *Sebastes inermis* from Japanese waters

Norimasa MATSUOKA<sup>\*1</sup> and Tomoaki SUGIYAMA<sup>\*2</sup>

<sup>\*1</sup> Division of Molecular Evolution, Faculty of Agriculture & Life Science, Hirosaki University, Hirosaki 036-8561, Japan

<sup>\*2</sup> Graduate School of Science, Hirosaki University, Hirosaki 036-8561, Japan

### Abstract

The fish *Sebastes inermis* is one of the common species in Japanese waters and the important fishery resource. Two different types of body color pattern (Black-type and Redbrown-type) in *Sebastes inermis* are found abundantly in Japanese waters. The problem whether these two types of body color are genetically distinct species (sibling species) or the intraspecific variation remains unclear, and thus we have attempted the molecular taxonomic study using allozyme analysis to resolve the problem. The allozyme data indicated that the two types of body color had the identical allelic composition in a total 25 genetic loci scored and shared gene pools to each other. Namely, the two types of body color in *S. inermis* were fixed for same alleles at 20 monomorphic loci of 25 genetic loci scored, though distinct and separate species are always fixed for different alleles at some monomorphic loci. Thus, the diagnostic loci were not found in the two types of body color in *S. inermis*. It clearly shows that there is gene flow between two types, and is a molecular evidence for that they are not reproductively isolated and genetically distinct species (sibling species). Further, the Nei's genetic identity ( $I=0.995$ ) and genetic distance ( $D=0.005$ ) between two types of body color were equivalent with those between conspecific local populations of various other fishes. Although the biological significance of the difference in body color is unclear, the morphological difference might be due to the depth of their habitats or the kind of food. From the present molecular data, we conclude that the two types of body color in *S. inermis* are intraspecific variation, in contrast with the four sibling species of the echinoid *Echinometra mathaei* and the two distinct species of the echinothurioid echinoid *Asthenosoma ijimai* from Japanese waters reported previously.

Bull. Fac. Agric. & Life Sci. Hirosaki Univ. No. 7 : 1 - 8, 2005