瀬戸内海東部海域のメイタガレイ同胞種の遺伝生化学的 検出と形態学的検討

渡辺 健一, 沼知 健一

(1987 年 10 月 16 日受付)

Biochemical Demonstration and Morphological Examination of the Sibling species of the Frog flounder in the Eastern Part of the Seto Inland Sea

Ken-ichi Watanabe*¹ and Ken-ichi Numachi*²

The occurrence of a sibling species of the frog flounder *Pleuronichthys cornutus* was uncovered by population analysis of allelic variations at three enzyme loci for 272 specimens of 8 population samples collected from the eastern part of the Seto Inland Sea. The sibling species (type B) was discovered in a population sample (WK) collected at the Kiisuido Channel, and highly resembled *P. cornutus* (type A) in morphological features, which is commonly distributed in this area. Type B, however, could clearly be distinguished by genotypes at *Mdh-B* and *Icd-B* loci, respectively, coding for malate dehydrogenase-B and isocitrate dehydrogenase-B. All the specimens of type B showed genotype B^2B^2 at *Mdh-B* locus and B^3B^3 at *Icd-B* locus. In the population sample WK, a remarkable homozygote excess was observed at these two loci, all the remaining specimens except the genotypes mentioned above were type A which had genotypes B^1B^1 at *Mdh-B* locus and B^1B^1 at *Icd-B* locus, and no heterozygotes were found at these loci. At another locus coding for α -glycerophosphate dehydrogenase, the same homozygote excess was demonstrated, and different alleles were predominant in types A and B.

Morphological examination of the two types revealed that the number of dorsal, anal and ventral fin rays was fewer in type B than in type A, and the differences were statistically significant in most cases, but differences as to several other meristic characters and relative growth of body parts to body length were not significant. Differences in spots and coloration on the body surface and the possibility of isolation by a difference in spawning season between the two types are discussed.

日本沿岸に生息するメイタガレイ *Pleuronichthys cornutus* は 1 属 1 種とされてきたが、最近加藤、藤尾¹⁾ は、仙台湾のメイタガレイにはリンゴ酸脱水素酵素の泳動像で MDH-A 型と MDH-B 型に区別される別個の繁殖集団があるとした。一方、鳥取県沖日本海産メイタガレイには、地元漁業者がホンメイタとバケメイタに区別している 2 種類があり、野沢および加藤²⁾ は、これについていくつかの計数、計測形質を調べて、両者の間には脊椎骨数、背鰭条数、臀鰭条数に統計的有意差が、また、体長に対する体高の回帰式の回帰係数にも差があることを示し、この 3 種類の計数形質の比較から、加藤および藤尾¹⁾ のいう MDH-A 型がホンメイタで、MDH-B 型

がバケメイタであるとした。

瀬戸内海東部海域には、メイタガレイが広範囲に生息しているが、2 種類のメイタガレイについては知られていない。筆者らは、播磨灘徳島県沿岸域、大阪湾および紀伊水道のメイタガレイについて、アイソザイムの分析と形態的検討を行った。その結果、リンゴ酸脱水素酵素、イソクエン酸脱水素酵素と α -グリセロリン酸脱水素酵素の 3 種類のアイソザイム分析結果から、メイタガレイには本海域に広範囲に生息するメイタガレイ A 種と、紀伊水道和歌山県沿岸域に A 種と混在して生息する B 種の 2 種があることを明らかにできた。特に ICD に関与する遺伝子座の分析で両種間の明らかな遺伝的独立性をよ

*¹ 徳島県水産試験場 (Tokushima Prefectural Fisheries Experimental Station, Hiwasa, Kaifu, Tokushima 779-23, Japan).

*² 東京大学海洋研究所大槌臨海研究センター (Otuchi Marine Research Center, Ocean Research Institute, University of Tokyo, Akahama, Otsuchi, Iwate 028-11, Japan).

り明確に示すことができた。また、両者の計数的、計量的形態形質についても検討したので併せて報告する。

材料および方法

瀬戸内海東部海域で、小型底曳網によって漁獲された8標本群、計272個体のメイタガレイを材料にした。標本群の採集場所と個体数をTable 1とFig. 1に示した。

標本は、実験に供するまで -20°C ～ -30°C で凍結保存した。それを解凍後個体ごとに白筋からはドリップを直接濾紙片にとり、⁸⁾ 肝臓には等量の蒸留水を加えてホモジェナイズし、その遠心上清を試料とした。電気泳動

は、水平式デンブング電気泳動法を用いた。ゲルの濃度は12.5%とし、泳動用緩衝液はClayton and Tretiak⁴⁾のクエン酸-アミノプロピル2エタノールアミン、pH 7を用い、5 mA/cm²の定電流で約3時間通電した。分析した酵素は、リンゴ酸脱水素酵素(MDH, EC 1.1.1.37)、イソクエン酸脱水素酵素(ICD, EC 1.1.1.42)、 α -グリセロリン酸脱水素酵素(α -GDH, EC 1.1.1.8)の3種類である。染色はそれぞれNumachi,^{3,5)} Taniguchi and Numachi⁶⁾によった。

これらの酵素のアイソザイムに関与している遺伝子座は、MDHに2座、ICDに1座、 α -GDHに1座あり、

Table 1. Details of collection of eight population samples of frog flounder from the eastern Seto Inland Sea

Population samples	Date of sampling	Area of sampling	No. of specimens
TH-1	Jul., 1978	Harimanada Sea, Tokushima Pref.	54
TH-2	Jun., 1979		13
TH-3	Nov., 1979		23
TK-1	Aug., 1978	Kii-suido Channel, Tokushima Pref.	39
TK-2	Jun., 1979		13
WK	Jun.~Aug., 1978	Kii-suido Channel, Wakayama Pref.	41
WT	Nov., 1979	Around the waters of Tomogashima Isl., Wakayama Pref.	47
OB	Oct., 1979	Osaka Bay	42

Fig. 1. Chart of the eastern Seto Inland Sea, showing locations where population samples were taken. The number of specimens of each sample is shown in parentheses.

Table 2. Genotype compositions of three allozyme loci in the eight population samples. The number shown in parenthesis is the expectation in the Hardy-Weinberg equilibrium. The significance of deviation from the expectation was tested by chi-square value

Population samples	Mdh-B locus			Icd-B locus			α -Gdh locus							
	1/1	1/2	1/3	2/2	1/1	1/2	1/3	3/3	1/1	1/2	1/3	1/4	2/2	Unknown
TH-1	53	0	1	0	53	1	0	0	54	0	0	0	0	0
TH-2	13	0	0	0	13	0	0	0	12	0	0	0	0	1
TH-3	21	2	0	0	23	0	0	0	23	0	0	0	0	0
Total	87	2	1	0	89	1	0	0	89	0	0	0	0	1
	(87.0)	(1.9)	(1.1)	(0)	(88.9)	(1.1)	(0)	(0)	(89.0)	(0)	(0)	(0)	(0)	
TK-1	37	1	1	0	39	0	0	0	39	0	0	0	0	0
TK-2	12	0	1	0	13	0	0	0	13	0	0	0	0	0
Total	49	1	2	0	52	0	0	0	52	0	0	0	0	0
	(49.0)	(1.0)	(2.0)	(0)	(52.0)	(0)	(0)	(0)	(52.0)	(0)	(0)	(0)	(0)	
WK, Type A	28	0	0	0	28	0	0	0	27	0	1	0	0	0
									(27.0)	(0)	(1.0)	(0)	(0)	
WK, Type B	0	0	0	13	0	0	0	13	2	5	0	1	5	0
									(1.9)	(5.8)	(0)	(0.4)	(4.3)	
Total	28	0	0	13	28	0	0	13	29	5	1	1	5	0
	(19.1)	(17.8)	(0)	(4.1)	(19.1)	(0)	(17.8)	(4.1)	(25.8)	(11.9)	(0.8)	(0.8)	(1.4)	
	$P<0.001$, d.f.=3				$P<0.001$, d.f.=3				$P<0.01$, d.f.=4					
WT	46	1	0	0	47	0	0	0	46	0	0	0	0	1
	(46.0)	(1.0)	(0)	(0)	(47.0)	(0)	(0)	(0)	(46)	(0)	(0)	(0)	(0)	
OB	41	1	0	0	42	0	0	0	41	0	0	0	0	1
	(41.0)	(1.0)	(0)	(0)	(42.0)	(0)	(0)	(0)	(41.0)	(0)	(0)	(0)	(0)

Fig. 2. Malate dehydrogenase (MDH) Isozyme phenotypes from white skeletal muscle (M) and liver (L) extracts of the frog flounder, *P. cornutus*. Genotypes are shown at the bottom of each column.

Table 3. Allele frequencies at three allozyme loci

Population samples	<i>Mdh-B</i> locus			<i>Icd-B</i> locus			α - <i>Gdh</i> locus			
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	4
TH	0.983	0.011	0.006	0.994	0.006	0	1.000	0	0	0
TK	0.971	0.010	0.020	1.000	0	0	1.000	0	0	0
WK, Type A	1.000	0	0	1.000	0	0	0.982	0	0.018	0
WT	0.989	0.011	0	1.000	0	0	1.000	0	0	0
OB	0.988	0.012	0	1.000	0	0	1.000	0	0	0
mean	0.986	0.009	0.005	0.998	0.001	0	0.996	0	0.004	0
WK, Type B	0	1.000	0	0	0	1.000	0.385	0.577	0	0.038
WK, Type (A+B)	0.683	0.317	0	0.683	0	0.317	0.793	0.183	0.012	0.012

それぞれ *Mdh-A* と *Mdh-B*, *Icd-B*, *Gdh-A* とした。加藤および藤尾¹⁾は2種類のメイタガレイを MDH の泳動像で MDH-A と MDH-B 型に分けたが、この2型は本報告の *Mdh-B* 遺伝子座の多型で生じる遺伝子型 B^1B^1 , B^2B^2 に対応するものと思われる。

外部形態の測定は、1978年に採集した TH-1, TK-1, WK 標本群についてだけ行った。WK 標本群には他の標本群とは異なり、後で述べる同胞種と判定された B 型 13 尾が含まれていた。この WK-B 型を WK-A 型 28 尾とともに測定した。計数形質として脊椎骨数、鰓耙数、背鰭条数、臀鰭条数、胸鰭条数、腹鰭条数、尾鰭条数を、一方、計測形質としては全長、体長、体高、頭長、尾柄高を測定した。前者は平均値を、後者は体長に対する各部位長の回帰直線をそれぞれ標本群間で比較した。

結 果

MDH アイソザイムの分析 8 標本群、272 個体の分析を通じて、MDH には Fig. 2 に示すような遺伝的多

型と考えられる4種類の型を見出した。これらの泳動像は、筋肉と肝臓で各バンドの染色の濃さが異なっている。この泳動像から MDH には2つの構造遺伝子座 *Mdh-A* と *Mdh-B* が関与し、筋肉により多く発現している A 遺伝子座には変異がないが、肝臓に卓越して発現する B 遺伝子座には3対立遺伝子があると考えた。Table 2 には各地域の標本群ごとにまとめて各型の出現頻度を示した。また、この値から各地域の標本群ごとに遺伝子頻度を求め (Table 3), これをもとに Hardy-Weinberg の平衡集団を仮定して各型の型頻度の期待値を求め、Table 2 のカッコ内に示した。ただし、Table では AAB^1B^1 , AAB^1B^2 ... を $1/1$, $1/2$... のように略してある。

この表で *Mdh-B* 遺伝子座の表現型を見るとどの標本群でも B^1B^1 個体がほとんどを占めていることが判る。ところが、紀伊水道和歌山県沿岸域の WK 標本群には他の標本群にない B^2B^2 個体が 13 尾含まれていた。次に、標本群ごとに遺伝子頻度を求め、これをもとに期待値を算出すると、Table 2 に示すように WK 群では著

Fig. 3. Three different isozyme patterns of isocitrate dehydrogenase (ICD) in *P. cornutus*. Genotypes estimated for each pattern are shown at bottom.

しい同型接合体の過剰が認められた。しかも期待される B^1B^2 をもった異型接合体がこの群には全く含まれていなかった。この同型接合体過剰は、WK 群には遺伝的に全く異なった2集団が生殖的には混合しないままに混在していることによって生じたと考えると解釈しやすい。この考えに立つて、WK 群を MDH の型によって AAB^1B^1 をもつ個体を A 型、 AAB^2B^2 型を示す個体を B 型と区別しておく。

ICD アイソザイムの分析 ICD の活性は肝臓で著しく弱かったので、筋肉でアイソザイムの型分析を行った。その結果、WK 群を除けば Fig. 3 の最も左側に示すようなただ1つのアイソザイムしかもたない個体がほとんどであった。ただし、TH-1 の1尾は Fig. 3 の中央に示すような3つのアイソザイムをもち、そのうちの中央のバンドが最も強く染色した。一方、WK 群のうち MDH が AAB^1B^1 であったいわゆる A 型はどの個体も他の多くの標本群の個体と同じ単一のバンドを示したが、B 型の全個体は Fig. 3 の右端に示すようなこれよりも遅く泳動する単一のアイソザイムを示す型ばかりであった。

ICD もまた MDH と同様2量体の酵素であることがよく知られているので、これらのアイソザイムは1遺伝子座 *Icd-B* の支配下において、3型は Fig. 3 の下に示したような遺伝子型 B^1B^1 、 B^1B^2 および B^2B^2 をもっていると考えられる。

このような遺伝的支配下において、遺伝子型 B^1B^1 と B^2B^2 の個体を 28 尾と 13 尾を含む1つの集団があったとすれば、この集団の B^1 と B^2 の遺伝子頻度は Table 3 の最下段に示すようにそれぞれ 0.683 と 0.317 となる。集団を構成している個体が無作為に交配していれば、期待される各型の出現頻度は Table 2 の WK 群の欄のカッコ内に示されるように、 B^1B^2 をもつ異型接合体が 18 尾近く含まれていなければならない。また、同型接合体はかなり少なくなる。この期待値との偏差は統計的にも

Fig. 4. Five different isozyme patterns of α -glycerophosphate dehydrogenase (α -GDH) in *P. cornutus*. Genotypes for each pattern are shown at the bottom.

有意である。一方、MDH で型分けした A 型 28 尾は ICD がすべて B^1B^1 で、MDH が B 型の 13 尾は ICD がすべて B^2B^2 であった。ICD についてのこの結果は、WK 群には遺伝的に混合しない A 型と B 型が混在していることをさらに明確に示している。

α -GDH アイソザイムの分析 筋肉を試料として分析した。その結果、Fig. 4 に示した5種類の泳動像が認められた。 α -GDH もまたダイマーであることが知られるが、この酵素も1遺伝子座の支配下において、この遺伝子座には少なくとも4対立遺伝子があると考えられた。変異は WK 群以外にはほとんどなく、しかも WK 群のなかでも WK-B 群に集中している。この場合も WK 群のすべての個体を合わせて型頻度を算出すると、MDH や ICD と同様に異集団の混在を示唆するような統計的にも有意な同型接合体の過剰が検出される (Table 2)。しかし、これを A と B 型に分けて頻度を求めると Table 2 のように観察値と期待値がほぼ一致し、WK 群には他の標本群とは異なって全く違った対立遺伝子をもった異集団が混在していることを強く示している。

計数形質 1978 年に採集した3標本群の全個体について7項目の計数形質を測定した。WK 群については、アイソザイム分析の結果に基づいて個体を A 型 28 尾と B 型 13 尾に分けて測定資料を整理した。結果は Table 4 に示すように、WK 群 B 型が背鰭、臀鰭、腹鰭条数ともに TH-1 や TK-1 および WK 群の A 型に比べてかなり少なかった。しかし、いずれも個体的変異があるために、個体別に B 型を A 型から識別することはできない。

Table 4. Meristic characters in three population samples. Population samples WK were divided into two groups on the basis of isozyme analysis

Population samples		Vertebrae	Gill-rakers	Dorsal fin rays	Anal fin rays	Pectoral fin rays	Ventral fin rays	Caudal fin rays
TH-1	range	35~38	8~10	72~84	53~62	10~12	5~7	18~20
	mean	36.96	8.95	77.32	56.85	11.06	6.02	19.02
	σ_8	0.624	0.714	2.767	2.449	0.567	0.329	0.336
TK-1	range	36~38	6~10	72~82	53~60	10~11	6	18~20
	mean	36.68	8.50	76.36	57.67	10.76	6.00	18.96
	σ_8	0.557	0.885	2.498	1.551	0.436	0.000	0.359
WK, Type A	range	35~37	6~10	74~84	54~61	10~12	5~6	19~21
	mean	36.40	8.77	78.64	57.73	10.86	5.93	19.15
	σ_8	0.632	1.092	3.388	2.282	0.535	0.267	0.555
WK, Type B	range	36~38	5~11	71~78	47~56	10~11	5~6	19~20
	mean	36.75	8.58	74.42	52.55	10.69	5.67	19.11
	σ_8	0.622	1.379	3.288	2.770	0.480	0.492	0.333

Table 5. T-test of Aspin-Welch and variance analysis of the mean number of the seven meristic characters between the four population samples

Population samples	TH-1	TK-1	WK, Type A	WK, Type B
Vertebrae				
TH-1		3.468	9.016*2	1.058
TK-1	5.306		2.142	0.119
WK, Type A	(0.900)	0.662		2.073
WK, Type B	0.523	0.049	0.141	
Gill-rakers				
Dorsal fin rays				
TH-1		2.094	2.224	9.743*2
TK-1	(2.268)*1		5.788*1	3.989
WK, Type A	1.526	0.012		10.330*2
WK, Type B	26.270*2	(5.734)*2	27.390*2	
Anal fin rays				
Pectoral fin rays				
TH-1		5.445	1.468	4.638
TK-1	0.104		1.824	0.192
WK, Type A	0.926	0.379		0.726
WK, Type B	8.962*2	11.824*2	2.956	
Ventral fin rays				
Caudal fin rays				
TH-1		0.539	0.525	1.129
TK-1			1.696	1.231
WK, Type A				0.042
WK, Type B				

*1: Significant at 5% level. *2: Significant at 1% level.

The numerical value in parenthesis show t-test value of Aspin-Welch.

このような計数値の差の統計的有意性を検討するために、まず標本群間にある分散の有意差をF検定し、等分散と考えられたものは一元配置分散分析法、異分散の組合わせは石居⁷⁾に従い Aspin-Welch 法による t 検定を行った。得られた結果は Table 5 にまとめて示してある。これによれば、WK 群 B 型が臀鰭条数で他の 3 群と $P < 0.01$ で有意に異なり、また、腹鰭条数も TH-1、TK-1 群と $P < 0.01$ で有意に、さらに背鰭条数も TH-1

や WK 群 A 型と $P < 0.01$ で有意差があるなど WK 群 B 型の異質性が目につく。

相対生長 体長に対する全長、体高、頭長、尾柄高の各部位長の相対生長関係を示す回帰直線の標本群間での差を Snedecor and Cochran⁸⁾ の共分散分析により検討した。その結果が Table 6 であるが、多くの標本群間で偏差分散に有意差が見られた。これは、各群の採集時期や年齢組成が異なるために、体長組成に差を生じたとも

Table 6. Analysis of covariance of various factors in regression on body parts to the body length among four population samples

Population samples	TH-1			TK-1			WK, Type A			WK, Type B		
	R1	R2	M	R1	R2	M	R1	R2	M	R1	R2	M
Total length												
TH-1				5.92* ²	4.43* ¹	5.14* ¹	7.24* ²	0.27	1.98	8.35* ²	0.44	0.02
TK-1	1.94* ¹	0.01	0.11				1.22	2.79	0.01	49.46* ²	2.90	0.40
WK, Type A	4.32* ²	0.40	6.20* ¹	8.44* ²	0.49	4.87* ¹				60.43* ²	0.56	1.04
WK, Type B	2.93* ¹	0.02	0.02	1.50	0.01	0.28	12.66* ²	0.30	3.22			
body height												
head length												
TH-1				2.83* ²	1.57	1.33	3.12* ²	1.56	0.18	1.21* ¹	1.46	3.21
TK-1	1.80* ¹	0.03	0.80				8.83* ²	0.34	0.61	2.33* ¹	0.03	2.55
WK, Type A	2.44* ¹	1.46	9.30* ²	4.40* ²	1.64	8.44* ²				3.79* ¹	0.15	1.45
WK, Type B	1.65	1.29	1.46	1.20	2.20	3.10	3.67* ¹	0.18	1.09			
depth of caudal peduncle												

*¹: Significant at 5% level. *²: Significant at 1% level.

R1: Residuals variance. R2: Regression coefficients. M: Adjusted mean.

考えられるので、体長差による影響を除去した回帰直線の回帰係数と、修正平均について分析した。その結果、Table 6 に見るようにいくつかの有意差があることが示されたが、その多くは WK 群 A 型と他の標本群の間にあり、一方、WK 群 B 型と他の群間では有意な差はなかった。正木および伊東⁹⁾は、体長と各部位長の相対生長が系群によって異なるだけでなく、雌雄によっても差があることを指摘している。この研究では雌雄別に分析していないなどの問題もあるが、アイソザイム分析で分離された WK 群 B 型は相対生長では他の標本群から有意に分離できなかったことになる。

考 察

加藤および藤尾¹⁾は、仙台湾のメイタガレイに MDH の泳動像で区別できる A, B 2 つの同胞種があると報告した。本報告では播磨灘、大阪湾、紀伊水道の 5 地点で採集した計 272 尾のメイタガレイを分析し、MDH に加えて他の 2 酵素 ICD と α -GDH に関与している 2 遺伝子座でこの同胞種の存在をさらに確認すると同時に、A 型がこの地域に広く分布し、B 型が紀伊水道と歌山県沿岸に A 型と混在していることを示すことができた。

A, B 2 型は、*Mdh-B* 遺伝子座でよく区別できる。この座の遺伝子型が B^1B^1 である個体が調査域に広く分布していた。一方、紀伊水道と歌山県沿岸の WK 群にだけ B^2B^2 をもつ個体が 13 尾含まれていた。WK 群には、他に遺伝子座が B^1B^1 を示す個体が 28 尾含まれていたが、 B^1B^2 を示す個体は 1 尾もなかった。従って、 B^1B^1 と B^2B^2 をもつ個体はこの地域に混在しているだけで、遺伝的には混合することはないと考えられた。しかし、WK 以外の TH, TK, WT および OB 標本群には *Mdh-B* の遺伝子型が B^1B^2 を示す個体が 1~2 尾ずつ含まれ

ていた。これらは A, B 2 型の交配で生じたものなのか、A 型に低い頻度で遺伝子 B^2 が含まれているものか MDH の分析だけでは明らかでない。

ICD の分析によって同胞種 B 型の存在が一層明らかになった。WK 群で *Mdh-B* が B^1B^1 , B^2B^2 の個体はそれぞれ *Icd-B* が例外なく B^1B^1 と B^2B^2 であった。 B^1B^2 の異型接合体は全く見い出されていない。このことは A, B 2 型の遺伝的独立性をさらに立証している。*Icd-B*² は B 型の種特異的遺伝子で、 B^2 遺伝子をもつものは B 型ということになる。TH などの 4 標本群に B^2 をもつ個体は含まれていない。従って、WK 群を除く 4 標本群には *Mdh-B* が B^1B^2 の個体も加えて A 型の個体しか含まれていないことになる。また、A 型は *Mdh-B*² 遺伝子を低頻度ながらももっていることになる。 α -GDH の分析は MDH や ICD 同様に同型接合体過剰を示し、A, B 2 型の存在を示唆したが、A, B 両型が α -Gdh¹ を共通にもつので、この遺伝子を同型接合的にもつ個体、この場合 13 尾中 2 尾は A, B 型の区別がつかない。ただし、 α -Gdh² は B 型に特異的なので、この遺伝子を異型接合的にももっていれば B 型個体と判定できる。

A, B 両型の形態的差異について、加藤および藤尾¹⁾は斑紋と脊椎骨数、背鰭、臀鰭条数の平均値が若干異なると述べ、野沢および加藤²⁾は脊椎骨数、背鰭と臀鰭条数の平均値、体長と体高の相対生長の回帰係数の差をあげている。今回の調査結果では背鰭、腹鰭、臀鰭条数が B 型では少ない傾向があり、これらの形質では A 型と B 型の群間で統計的有意差があるものが多かった。ただし、脊椎骨数や体各部の相対生長は統計的に有意には異ならなかった。鳥取県では地元漁業者が斑紋、体表面の色彩、鮮度低下速度の差の相違などから、A, B 両型をホンメイタ、バケメイタに区別していると野沢および加藤²⁾は述

べている。しかし、今回の調査では、斑紋等で両者を区別するのは困難であった。精査が今後必要である。いずれにしても、両者はアイソザイムでは明らかに区別され、また生殖的には混合していないことが示されたが、形態的にはよく似ていて区別しにくいので同胞種といってよいと思われる。ちなみに、同胞種とは Mayer (1942) によれば「形態的に区別は困難だが、生殖的に隔離された種のグループ」と定義されている。¹⁰⁾

形態についての今回の調査では、脊椎骨数がA型の群間でも有意に異なるものがあったり、各部の相対生長もA型の群間でかなりの差が認められた。この差の要因はこの研究では明らかにできなかったが、雌雄間の差や地方集団の存在とも関係しているように思われるところがあり、今後形態の研究はこのような要素も入れて研究する必要があるものと考えている。

2種のメイタガレイがどのような機構で隔離されているかについては現在不明である。隔離についてはいろいろな機構があげられているが、魚類の近縁種間では地理的隔離や生殖時期の差が要因であることが多い。メイタガレイの両種の場合、生息域は互いに重複か近接している上に、卵は浮遊性であることなどから両者の間に地理的隔離は考えられない。南¹¹⁾は若狭湾でのメイタガレイの産卵が、12月～1月と3月以後にもう一度あることを指摘している。播磨灘徳島県沿岸の産卵期は10月下旬～1月上旬、盛期は11、12月とされるが、¹²⁾筆者らの聞き取り調査では徳島県鳴門沿岸の極めて限られた海域では5月に卵をもった個体が時折漁獲されるという。このことから、産卵期がA型は晩秋から初冬、B型は明らかに間をおいて春になってから産卵し、両者の間に産卵期の季節的隔離があると考え、これを確証する研究を計画している。

謝 辞

本稿をまとめるにあたり、研究の機会を与えられた小竹子之助元徳島県水産試験場長、数々の御助言を賜った日野淑美場長に対し、深謝の意を表する。また、メイタガレイの採集に御協力を頂いた阪本俊雄和歌山県水産試験場資源部長、矢持進大阪府水産試験場主任研究員に対し、謝意を表する。

文 献

- 1) 加藤康成, 藤尾芳久: 水産育種, **4**, 10-12 (1979).
- 2) 野沢正俊, 加藤史彦: 日水研報告, **32**, 1-8 (1981).
- 3) K. Numachi: *Nippon Suisan Gakkaishi*, **37**, 755-760 (1971).
- 4) J. W. Clayton and D. N. Tretiak: *J. Fish. Res. Bd. Can.*, **29**, 1169-1172 (1972).
- 5) K. Numachi: *Nippon Suisan Gakkaishi*, **36**, 1067-1077 (1970).
- 6) N. Taniguchi and K. Numachi: *Nippon Suisan Gakkaishi*, **44**, 1351-1355 (1978).
- 7) 石居 進: 生物統計学入門, 培風館, 東京, 1979, pp. 161-167.
- 8) G. W. Snedecor and W. G. Cochran: 統計的方法 (畑村又好, 奥野忠一, 津村善郎訳), 岩波書店, 東京, 1972, pp. 405-408.
- 9) 正木康昭, 伊東 弘: 南西水研報, **16**, 11-51 (1984).
- 10) 沼田 真: 生態学辞典, 築地書館, 東京, 1974, p. 293.
- 11) 南 卓志: 日水誌, **48**, 369-374 (1982).
- 12) 渡辺健一, 秋月友治, 谷本尚則: 徳島水試事報 (59年度), 19-22 (1986).