

トラフグの PGM, IDH 及び MDH アイソザイムにおける 遺伝子型の分離比の検討

佐藤 良三・神谷 直明・岡田 一宏・鯉江 秀亮

Investigation of genotypic segregation ratio of PGM, IDH and MDH isozymes in ocellate puffer, *Takifugu rubripes*.

Ryozo Sato, Naoaki Kamiya, Kazuhiro Okada and Hideaki Koie

Mating tests for phosphoglucosmutase (PGM), malate dehydrogenase (MDH) isozymes in muscle, and isocitrate dehydrogenase (IDH) isozymes in liver of ocellate puffer were carried out in order to deduce the genetic system of these isozymes and to investigate the genotypic segregation ratio. The expected genotypes were obtained for each cross. This confirmed that the isozymes are controlled by major genes, but some crosses showed statistical differences from the expected genotypic segregation ratio. In the case of the PGM isozymes, one out of three bc × bc crossing tests and one bb × bc cross were significantly different in genotypic segregation than the expected values at the 5% level, respectively. Moreover one out of two bc × cc crosses was different at the 1% level. In the IDH isozymes, one out of four NF × NF crosses was different at the 1% level. There were no differences in body length and body weight between each genotype. On the other hand, some differences in the condition factor between each genotype were recognized. However there was no trend in the survival rate or growth of any specific genotype. From these results, it is suggested that genes of isozymes are not always neutral, and that the genotypic segregation ratio and the growth of each genotype depends on the environmental factors.

Key words: PGM, IDH, MDH, genotypic segregation ratio, growth, ocellate puffer

アイソザイムがメンデル遺伝することは、Markert (1963) が4量体構造をもつLDH (乳酸脱水素酵素) の2種類のホモ接合体である1本バンドを *in vitro* で各々の単量体とした後に、それらを混ぜ合わせて5本バンドのヘテロ接合体に再結合させ、これらの過程をサブユニットと遺伝子に対応させることによって証明した。その後、遺伝子の構造とはたらし、遺伝子発現の制御機構などが詳細に解明され、遺伝学的、分子生物学的にも十分に裏付けられている (堀 1994)。これらの知見に基づき、魚類においてもアイソザイムの遺伝子型頻度及び遺伝子頻度が集団構造、系統分類及び遺伝・育種研究などで遺伝的指標として数多く用いられている。その

際、数多くの研究者は電気泳動像及び各酵素のサブユニット構造に基づき遺伝子型を推定し、各遺伝子型頻度のハーディ・ワインベルグの法則への適合性により、研究者自身が立てた仮説が正しいものとして各々の研究へ展開している。すなわち、雌雄1尾ずつの交配試験による各アイソザイムの遺伝様式の確認及び遺伝子型の分離比の検討を伴った集団研究の報告例は少ない。研究者が遺伝様式を間違っ取り扱うことはほとんどないであろうが、遺伝子型の分離比に関する知見不足は集団構造研究の展開に影響を与えるであろう。トラフグ (*Takifugu rubripes*) では、アイソザイムを遺伝的指標とした系群研究 (佐藤ほか 1991, 佐藤 1997) だけで

はなく、産卵群構造研究(佐藤ほか1994)が報告されている。しかし、ある産卵群とそれから形成される系群との間の遺伝的組成が必ずしも一致するとはかぎらない。すなわち、交配及びサンプリングの無作為からのずれのほかに、アイソザイムの遺伝子型の分離比や遺伝子型による成長の違いなどが生じる可能性があり、分離比及び成長に関する基礎的知見の蓄積が必要である。したがって、本研究では、トラフグの10組の交配試験により、PGM(フォスフォグルコムターゼ)、IDH(イソクエン酸脱水素酵素)及びMDH(リンゴ酸脱水素酵素)アイソザイムについて、ヘテロ接合体同志の9組を含む延べ14組の遺伝様式の確認、遺伝子型の分離比及び遺伝子型と成長との関係を検討した。

材料と方法

トラフグの交配試験には、三重県安乗沖の産卵場周辺海域で旋網によって漁獲された親魚を用い、船上或いは市場で交配を行った。交配は1993年及び1994年の4月上・中旬にそれぞれ4組及び6組行い、交配後直ちに親の筋肉、肝臓

を冷凍状態で南西海区水産研究所へ送付し、PGM、IDH及びMDHアイソザイムの遺伝子型の分析を行った。分析はトリスブクエン酸(pH 8.0)を緩衝液とするでん粉ゲル電気泳動法によった。分析結果に基づき、1993年には交配組1~4、1994年には交配組5~10の受精卵を残してふ化・飼育を行った(Table 1, 2)。すなわち、遺伝子型の分離比を検討した交配組は、PGMアイソザイムではbc × bcを3組、bc × bdを2組、bb × bcを1組、bc × ccを2組、IDHアイソザイムではNF × NFを4組、NN × NFを1組、さらにMDHアイソザイムではNN × NSを1組の計14組(4組重複)であった(Fig. 1)。なお、各アイソザイムの遺伝子型の名称は前報に従った(佐藤ほか1991, 佐藤1997)。交配に用いた親魚は雌親魚6尾(平均体長50.7 cm, 平均体重2.47 Kg)、雄親魚10尾(平均体長43.8 cm, 平均体重1.94 Kg)であり、交配組1と2、3と4、7~9はそれぞれ同じ雌親魚の卵であった。また、交配組1、2及び9は愛知県水産試験場、交配組3~5及び10は民間養魚場、交配組6~8は三重県水産技術センターで飼育した。

平均ふ化率は68%(40~92%)であり、仔魚

Table 1. Genotypic aggregation ratio of PGM isozymes of ocellate puffer.

Cross	Parental genotypes		Offspring genotypes observed (expected)					Total	Degree of freedom	χ^2
	Male	Female	bb	bc	bd	cc	cd			
1	bc × bd		40 (28)	23 (28)	28 (28)	-	21 (28)	112	3	7.79
2	bc × bc		40 (27.5)	50 (55)	-	20 (27.5)	-	110	2	8.18*
5	bc × bc		26 (28.8)	60 (57.5)	-	29 (28.8)	-	115	2	0.37
6	bc × bd		40 (40)	43 (40)	36 (40)	-	41 (40)	160	3	0.65
7	bc × bc		37 (38.8)	84 (77.5)	-	34 (38.8)	-	155	2	1.21
8	bb × bc		89 (76)	63 (76)	-	-	-	152	1	4.45*
9	bc × cc		-	96 (78.5)	-	61 (78.5)	-	157	1	7.80**
10	bc × cc		-	84 (75)	-	66 (75)	-	150	1	2.16

* p<0.05 ** p<0.01

Table 2. Genotypic aggregation ratio of IDH and MDH isozymes of ocellate puffer.

Cross (Isozyme)	Parental genotypes		Offspring genotypes observed (expected)			Total	Degree of freedom	χ^2
	Male	Female	NN	NF	FF			
3 (IDH)	NF	NF	27 (28.3)	52 (56.5)	34 (28.3)	113	2	1.58
4 (IDH)	NF	NF	29 (27.5)	54 (55)	20 (27.5)	103	2	1.82
7 (IDH)	NN	NF	83 (77.5)	72 (77.5)	–	155	1	0.43
8 (IDH)	NF	NF	45 (38)	75 (76)	32 (38)	152	2	2.25
9 (IDH)	NF	NF	34 (39.3)	67 (78.5)	56 (39.3)	157	2	9.54**
Cross	Male	Female	NN	NS	SS	Total	D·f	χ^2
10 (MDH)	NN	NS	79 (75)	71 (75)	–	150	1	0.43

** p<0.01

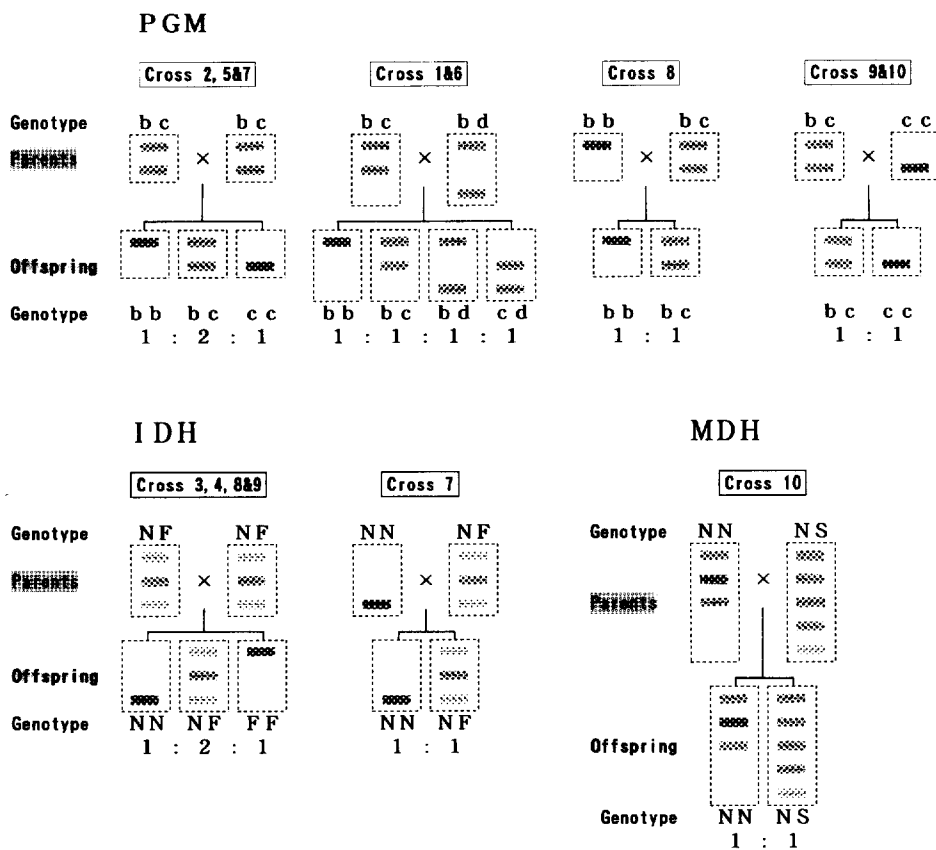


Fig. 1. Genotypes and schematic isozyme patterns of parents and offspring in each cross, and expected genotypic segregation ratio of PGM, IDH and MDH isozymes.

期の飼育水温は平均 20.1°C, 稚魚期の水温は平均 26.0°C であり, 餌は最初にワムシを与え, 次第にアルテミア, 配合飼料へと変えた。取り上げは交配組 9 及び 10 は 7 月下旬, 残りは 8 月下旬に行い, 取り上げ直後 -20°C で冷凍し, 冷凍状態で南西海区水産研究所へ送付して分析に供した。

各交配組の各遺伝子型の分離比の検討は χ^2 検定により行った。成長については, 尾鱗が噛まれて一部或いはほとんど全部が消失しているために標準体長, 体重を測定し, 肥満度は (体重) / (体長)³ × 1,000 から求めた。各遺伝子型の標準体長, 体重及び肥満度の比較は平均値の差の検定により行った。

結 果

全ての交配組において, 親魚の組み合わせから期待された遺伝子型のみが出現し, アイソザイムを支配する遺伝子がメンデル遺伝することがあらためて確認された。PGM のサブユニット構造はモノマーであるために, ホモ接合体は 1 本バンド, ヘテロ接合体は 2 本バンドをもつ。2 本バンドで同じ遺伝子型の bc × bc の交配組からは, 遺伝子型 bb, cc のホモ接合体が 1, 遺伝子型 bc のヘテロ接合体が 2 の割合で出現することが期待できる (Fig. 1)。この遺伝子型の組み合わせは, 交配組 2, 5 及び 7 の 3 組で行った。

Table 3. Mean body length and body weight of each genotype of PGM isozymes in ocellate puffer.

Cross	Genotype	Body length (cm)					Body weight (g)				
		bb	bc	bd	cc	cd	bb	bc	bd	cc	cd
1	No. of fish	40	23	28	-	21	40	23	28	-	21
	Mean	9.70	9.74	9.51	-	9.52	37.10	35.56	35.95	-	35.14
	S.D.	0.66	0.56	0.76	-	0.71	6.71	6.01	7.84	-	6.99
2	No. of fish	40	50	-	20	-	40	50	-	20	-
	Mean	9.57	9.64	-	9.48	-	33.72	33.65	-	32.20	-
	S.D.	0.56	0.49	-	0.58	-	5.01	5.06	-	5.81	-
5	No. of fish	26	60	-	29	-	26	60	-	29	-
	Mean	8.01	8.16	-	8.13	-	21.55	22.37	-	22.19	-
	S.D.	0.41	0.38	-	0.31	-	3.04	2.74	-	2.47	-
6	No. of fish	40	43	36	-	41	40	43	36	-	41
	Mean	9.78	9.70	9.95	-	9.73	41.18	39.47	43.27	-	39.41
	S.D.	0.97	0.94	0.97	-	0.76	12.36	10.14	11.66	-	8.41
7	No. of fish	37	84	-	34	-	37	84	-	34	-
	Mean	9.51	9.41	-	9.37	-	35.40	35.59	-	35.94	-
	S.D.	0.72	0.56	-	0.50	-	6.34	5.86	-	5.76	-
8	No. of fish	89	63	-	-	-	89	63	-	-	-
	Mean	8.78	8.41	-	-	-	28.39	26.82	-	-	-
	S.D.	0.82	0.87	-	-	-	7.03	7.42	-	-	-
9	No. of fish	-	96	-	61	-	-	96	-	61	-
	Mean	-	9.47	-	9.44	-	-	36.55	-	37.80	-
	S.D.	-	0.72	-	0.86	-	-	8.25	-	11.16	-
10	No. of fish	-	84	-	66	-	-	84	-	66	-
	Mean	-	8.58	-	8.60	-	-	28.07	-	28.30	-
	S.D.	-	0.55	-	0.49	-	-	5.31	-	4.67	-

S.D.: Standard Deviation

その中の交配組 2 において、遺伝子型 bb が期待値に比べ多く、遺伝子型 cc 及び bc が少なく、5% 水準で有意差（自由度は 2）が認められた（Table 1）。2 本バンド同志の bc × bd の交配組からは、遺伝子型 bb, bc, bd, cd が同じ割合で出現することが期待される。この組み合わせに相当する交配組 1 及び 6 は 2 組とも有意差が認められなかった。PGM アイソザイムではそのほか遺伝子型 bb × bc を 1 組、遺伝子型 bc × cc を 2 組の計 3 組の交配結果が得られた。前者は交配組 8 で、ホモ接合体の bb が期待値より多く、ヘテロ接合体の bc が少なく、5% 水準で有意差（自由度は 1）が認められた。後者の中の 1 組の交配組 9 では、ヘテロ接合体の bc が期待値より多く、ホモ接合体の cc が少なく、1% 水準で有意差（自由度は 1）が認められた。しかし、もう 1 組の交配組 10 では有意差は認められなかった。以上、PGM アイソザイムでは特定の交配組からいつも特定の遺伝子型が期待値より多いとか少ないという一定した結果は得られなかった。

IDH のサブユニット構造はダイマーであるために、ホモ接合体は 1 本バンド、ヘテロ接合体は 3 本バンドをもつ。3 本バンドで同じ遺伝子型の NF 同志の交配組からは、遺伝子型 NN, FF のホモ接合体が 1、遺伝子型 NF のヘテロ接合体が 2 の割合で出現することが期待される（Fig. 1）。交配組 3, 4, 8 及び 9 の 4 組はこの遺伝子型の組み合わせであり、交配組 9 では遺伝子型 FF が期待値に比べ多く、遺伝子型 NF, NN が少なく、1% 水準で有意差（自由度は 2）が認められた（Table 2）。しかし、他の 3 組においては有意差が認められなかった。また、遺伝子型 NN × NF の交配組 7 においても有意差は認められなかった。MDH アイソザイムは IDH と同様にダイマー構造をもつアイソザイムであるが、変異型遺伝子の頻度が低く、ヘテロ同志の交配ができなかった。そのため遺伝様式の確認を目的とした遺伝子型 NN × NS の交配を行ったが、期待値からのずれは認められなかった。

アイソザイム分析魚の平均体長は交配組間でかなり異なっていたが、各交配組内の各遺伝子型間では統計学的な差は認められなかった。す

なわち、PGM アイソザイムの各交配組内の各遺伝子型間における平均体長の差は 0.01～0.37 cm、IDH アイソザイムでは 0.09～0.23 cm であり、MDH アイソザイムでは一致していた（Table 3, 4）。平均体重については交配組間でさらに差が大きくなった。そして、各交配組内における各遺伝子型間の平均体重の差は、PGM アイソザイムで 0.23～3.86 g、IDH アイソザイムで 0.35～2.12 g、MDH アイソザイムで 0.36 g と中には大きいものもあったが、標準偏差も大きく、統計学的な差は認められなかった（Table 3, 4）。

肥満度の平均値はいくつかの遺伝子型間において統計学的な差が認められた（Table 5）。PGM アイソザイムにおいて 1% 水準で有意差が認められたのは、交配組 1 の遺伝子型 bd > bc、交配組 8 の bc > bb であり、5% 水準では交配組 1 の bb > bc 及び cd > bc、交配組 7 の cc > bb、交配組 9 の cc > bc であった。IDH アイソザイムにおいて 1% 水準で有意差が認められたのは、交配組 9 の NF > NN 及び FF > NN、交配組 8 の NF > NN であり、5% 水準では交配組 8 の FF > NN であった。しかし、これらと同じ遺伝子型の比較においても有意差が認められなかったり、特定の遺伝子型の肥満度が終始一貫して大きいとか小さいとかといった結果は得られなかった。

考 察

トラフグの PGM アイソザイムではこれまで 13 の遺伝子型が検出され、a～e の 5 対立遺伝子の存在が推定されている（佐藤 1997）。本研究では bb, bc, cc 及び bd の 4 つの遺伝子型を用いた交配試験を行い、c 及び d 遺伝子より生じた遺伝子型 cd を加えた計 5 つの遺伝子型が推測通り得られた（Fig. 1, Table 1）。IDH アイソザイムではこれまで 4 つの遺伝子型が検出され、N, F 及び F' の 3 対立遺伝子の存在が推定されている（佐藤 1997）。本研究では NN, NF の 2 つの遺伝子型を用いた交配試験を行い、N 及び F の 2 つの遺伝子から生じた NN, NF 及び FF の 3 つの遺伝子型が推測通り得られた（Fig. 1, Table 1）。また、MDH アイソザイムについて

Table 4. Mean body length and body weight of each genotype of IDH and MDH isozymes in ocellate puffer.

Cross (Isozyme)	Genotype	Body length (cm)			Body weight (g)		
		NN	NF	FF	NN	NF	FF
3 (IDH)	No. of fish	27	52	34	27	52	34
	Mean	6.37	6.44	6.52	11.16	11.65	12.10
	S.D.	0.33	0.38	0.33	1.54	2.28	2.04
4 (IDH)	No. of fish	29	54	20	29	54	20
	Mean	8.49	8.58	8.51	26.86	28.08	26.79
	S.D.	0.36	0.43	0.38	3.57	3.92	3.52
7 (IDH)	No. of fish	83	72	—	83	72	—
	Mean	9.38	9.48	—	35.46	35.81	—
	S.D.	0.66	0.50	—	6.32	5.46	—
8 (IDH)	No. of fish	45	75	32	45	75	32
	Mean	8.78	8.56	8.55	27.81	27.83	27.41
	S.D.	0.73	0.94	0.84	6.53	7.88	6.93
9 (IDH)	No. of fish	34	67	56	34	67	56
	Mean	9.49	9.40	9.51	35.71	37.05	37.83
	S.D.	0.74	0.84	0.74	8.84	9.54	9.82
Cross	Genotype	NN	NS	SS	NN	NS	SS
10 (MDH)	No. of fish	79	71	—	79	71	—
	Mean	8.58	8.58	—	28.00	28.36	—
	S.D.	0.54	0.51	—	4.57	5.51	—

S.D.: Standard Deviation

は、遺伝子座 1 及び 2 により支配される易動度の速いゾーンと遺伝子座 3 に支配される易動度の遅いゾーンの 2 つに分かれ (佐藤ほか 1991), これまで易動度の速いゾーンには $N_1N_1N_2N_2$, $N_1N_1N_2S_2$, $N_1N_1S_2S_2$ 及び $N_1F_1N_2N_2$ の 4 つの遺伝子型が, 遅いゾーンには N_3N_3 及び N_3F_3 の 2 つの遺伝子型が検出されている。本研究では遺伝子型 $N_1N_1N_2N_2$ (NN と称す) と $N_1N_1N_2S_2$ (NS と称す) の交配を行い, NN と NS がほぼ 1 : 1 で出現し, 推測通りの結果が得られた (Fig. 1, Table 1)。なお, 遺伝子型 $N_1N_1S_2S_2$ (SS と称す) は遺伝子型 NS の易動度の最も速いバンド, 真中のバンド及び易動度の最も遅いバンドと同じ位置の 3 本バンドからなり, 7 年間にわたって約 7,000 尾分析した中で僅か 1 尾しか検出されていない。この遺伝子型 SS と NN を交配させると, その F_1 は全て遺伝子型 NS となるものと推測される。

これまでアイソザイムを遺伝的指標とする数多くの集団研究が魚類を中心に水産動物を用いて行われているが, 指標に用いたアイソザイムの遺伝子分析に関する報告は少ない。Wada (1975) はアコヤガイ (*Pinctada fucata*) の LAP アイソザイム, Ring *et al.* (1994) は European grayling (*Thymallus thymallus* L.) の LDH, MEP アイソザイム, Morizot *et al.* (1994) はアメリカ産ナマズ (*Ictalurus punctatus*) の mAH, PGM, UGHUT など 5 つのアイソザイムを交配試験により, 研究者自らが電気泳動像と各酵素の構造から立てた遺伝仮説の正当性を確認している。しかし, Crozier and Moffett (1990) が大西洋産サケ (*Salmo salar* L.) で検討した 7 つのアイソザイムの中で, PGM, SDH に予期しない遺伝子型が検出された。彼らは遺伝子型の読み違いあるいはコンタミであるかもしれないとしているが, それらの原因は不明である。

Table 5. Mean condition factor of each genotype of PGM, IDH and MDH isozymes in ocellate puffer. Statistically significant groups are marked with bold values for the mean condition factor and significance levels are given by asterisk(s) (* p<0.05; ** p<0.01).

Cross (Isozyme)	Genotype					Cross (Isozyme)	Genotype		
	bb	bc	bd	cc	cd		NN	NF	FF
1 (PGM)	40	23	28	–	21	3 (IDH)	27	52	34
	40.62*	38.18	41.46**	–	40.53*		43.14	43.18	43.51
	5.01	2.61	3.69	–	4.12				
2 (PGM)	40	50	–	20	–	4 (IDH)	29	54	20
	38.25	37.47	–	37.62	–		43.75	44.29	43.41
	2.90	3.12	–	3.78	–		3.39	2.88	2.99
5 (PGM)	26	60	–	29	–	7 (IDH)	83	72	–
	41.82	41.17	–	41.29	–		42.85	41.83	–
	2.53	3.19	–	3.33	–		4.19	3.45	–
6 (PGM)	40	43	36	–	41	8 (IDH)	45	75	32
	43.11	42.83	43.16	–	42.37		40.62	43.55**	43.23*
	4.31	4.57	4.13	–	3.29		4.47	4.40	5.28
7 (PGM)	37	84	–	34	–	9 (IDH)	34	67	56
	41.16	42.51	–	43.38*	–		41.17	43.97**	43.27**
	4.44	3.53	–	3.86	–		3.07	4.33	3.62
8 (PGM)	89	63	–	–	–	Cross (Isozyme)	Genotype		
	41.36	44.16**	–	–	–		NN	NS	SS
	4.38	4.80	–	–	–				
9 (PGM)	–	96	–	61	–	10 (MDH)	79	71	–
	–	42.56	–	43.97*	–		44.09	44.41	–
	–	4.10	–	3.59	–		3.95	4.18	–
10 (PGM)	–	84	–	66	–				
	–	44.14	–	44.37	–				
	–	3.97	–	4.18	–				

Condition factor: Body weight/(Body length)³ *1000

Upper: No.of fish, Middle: Mean, Lower: Standard deviation

Fujino and Kang (1968) は、太平洋産カツオ (*Katsuwonus pleamis*) のトランスフェリンにおける3つの遺伝子型の適応値(相対的生残率)がホモ接合体では1より小さく、ヘテロ接合体で1より大きい、体長の増大とともに1に近づくことを報告している。Koehn (1970) によれば、北米産淡水魚 *Catostomus clarkii* の血清エステラーゼの遺伝子型 Es-I^{aa} は高温で、Es-I^{bb} は低温で、また Es-I^{ab} は中間の温度で高い活性を示した。自然集団におけるこれら3型の出現率は、高温域の低緯度では高温活性増大型の Es-I^{aa} が高頻度で、Es-I^{bb} は低頻度で出現し、緯

度の変化とともに多型の相対頻度は変化して低温域の高緯度では低緯度とは逆の出現比率を示したとしている。Sugita and Fujio (1982) は養殖マガキ (*Crassostrea gigas*) のアスパラギン酸アミノトランスフェラーゼのヘテロ接合体の生残率が高く、一方のホモ接合体の成長が良いことを報告している。藤尾ほか(1985) はヒラメ (*Paralichthys olivaceus*) の天然集団と放流集団の肝臓中のイソクエン酸脱水素酵素を分析し、天然集団ではホモ接合体過多が観察され、放流集団ではヘテロ接合体過多及びヘテロ接合体の成長の良いことを報告している。このように遺伝

子型の分離比及び成長などを集団レベルで検討した報告は他にもあるが、天然集団と養殖或いは放流集団との間では再生産に関与している親魚数の点で遺伝子型頻度の解釈が異なってくる。天然集団の場合は次世代の生残率の低いことが多く、対象とする群に関与した親魚数の多いことが推測できる。それ故、天然集団で観察される遺伝子型の期待値からのずれには、無作為な交配が行われなかったことよりも遺伝子型間の生残率の違いが起因する可能性が高いであろう。一方、養殖・放流集団の場合は種苗生産技術の向上に伴って次世代の生残率が高いことから、種苗生産に用いる親魚数は少なくすむ。再生産に関与した親魚数が少なければ、遺伝子型間の生残率の違いのほかに、無作為な交配が行われなかったことが遺伝子型の分離比にずれを生じさせる大きな原因となりうる。特に、種苗生産を行って遺伝子型間の生残率の違いを検討する場合には、雌雄1:1の交配を複数組行って分離比を求める必要がある。このような交配試験で遺伝子型の分離比に有意差が認められた例として、アコヤガイのLAPアイソザイムで1組中1組 (Wada 1975), European graylingのm-MEPアイソザイムで8組中1組 (Ring *et al.* 1994), アメリカ産ナマズのmAH, PGM, UGHUTアイソザイムでそれぞれ18組中2組, 15組中1組, 5組中2組 (Morizot *et al.* 1994)があげられる。本研究では、PGMアイソザイムの遺伝子型の分離比において、期待値との間に統計学的な差が認められたのは8組中3組であった。その内訳は、bc × bcの組み合わせの3組中1組, bc × ccの2組中1組, bb × bcの1組中1組であり、特定の組み合わせでいつも有意差が認められたわけではない。有意差が認められた交配組における各遺伝子型の期待尾数に対する出現尾数は、交配組2では遺伝子型bbが多く、遺伝子型bc及びccは少ない。交配組8では遺伝子型bbが多く、bcが少なく、交配組9では遺伝子型bcが多く、遺伝子型ccが少ない。このように特定の遺伝子型の生残率が期待値に比べて良いという結果は得られなかった。IDHアイソザイムでは5組中1組に有意差が認められ、それはNF × NFの4組中の1組であっ

た。PGMアイソザイム同様、特定の遺伝子型が期待値より多いとか少ないとかという傾向は認められなかった。

交配組間の平均体長及び平均体重には大きな違いが認められたが、同一の交配組内の遺伝子型間では統計学的な差は認められなかった (Table 3, 4)。一方、肥満度ではPGMアイソザイムの24の遺伝子型間のうち6遺伝子型間で、IDHアイソザイムの13の遺伝子型間のうち4遺伝子型間で有意差が認められたが、遺伝子型の分離比同様に特定の遺伝子型の肥満度が大きいとか小さいとかといった傾向は認められなかった。遺伝子型の分離比と同様に遺伝子型間の肥満度に違いを生じさせる要因として飼育環境が考えられるが、どの環境要因が主な影響を与えたかの特定はできない。本研究では、飼育施設の関係で各交配組を同一施設でしかも同一時期に飼育できなかったことがその特定を妨げた原因の一つとして考えられなくもないが、おそらく環境要因が遺伝子型の分離比及び成長へ複雑に関わっているにちがいない。一方、遺伝子型の分離比を求める際の分析尾数が103~160尾と少なく、標本抽出誤差による可能性も否定できない。トラフグを高密度で飼育する場合、噛み合いが生じ、病気が発生するために、体長10cmサイズを各交配組ごとに数百尾或いは千尾以上飼育することは難しく、この問題についてもなかなか克服できないであろう。何れの原因にしろ、トラフグ、European grayling、アメリカ産ナマズ及びアコヤガイにおいて、遺伝子型頻度期待値からのずれが生じたこと、トラフグの遺伝子型間で肥満度に違いが認められたこと、また、集団レベルでも時折分離比及び成長において遺伝子型に違いが認められることは、アイソザイムが環境に対して中立であるという説が必ずしも成立していないことを示すものであろう。本研究ではPGM、IDH及びMDHアイソザイムが推測通りの様式で遺伝することを証明できたが、遺伝子型の分離比及び成長については終始一貫した法則性を見いだすことができなかった。今後、飼育環境を厳しく制御及び把握できる状態でアイソザイム或いは他の遺伝形質の遺伝子型の生残率や成長の違いを明らかにし

て行けば、系群研究や産卵群構造研究に役立つような基礎的知見が得られるであろう。

文 献

- Crozier, W. W. and I. J. J. Moffett, 1990: Inheritance of allozymes in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *Aquaculture*, **88**, 253–262.
- 藤尾芳久, 佐々木信行, 佐々木 実, 小金澤昭光, 1985: ヒラメのイソクエン酸脱水素酵素アイソザイムによる自然集団と放流集団との差異. *東北水研報*, (47), 51–57.
- Fujino, K. and T. Kang, 1968: Transferrin groups of tunas. *Genetics*, **59**, 79–91.
- 堀 勝治, 1994: アイソザイムの分子生物学—酵素・タンパク質の分子多様性を生み出すメカニズムと機能を探る—. 共立出版, 東京, 254 pp.
- Koehn, R. K., 1970: Functional and evolutionary dynamics of polymorphic esterase in catostomid fishes. *Trans. Amer. Fish. Soc.*, **99**, 219–228.
- Markert, C. L., 1963: Lactate dehydrogenase isozymes: dissociation and recombination of subunits. *Science*, N. Y., **140**, 1329–1330.
- Morizot, D. C., M. E. Schmidt and G. J. Carmichael, 1994: Joint segregation of allozymes in catfish genetic crosses: Designation of *Ictalurus punctatus* linkage group I. *Trans. Amer. Fish. Soc.*, **123**, 22–27.
- Ring, O., H. Jansson, T. Ost and T. Andersson, 1994: Inheritance of allozymes in the European grayling (*Thymallus thymallus* L.). *Hereditas*, **120**, 159–163.
- 佐藤良三, 中 賢治, 神谷直明, 1994: アイソザイム遺伝子を指標とした放流試験と産卵場調査. *月刊海洋*, **26**, 505–509.
- 佐藤良三, 東海 正, 阪地英男, 1991: 瀬戸内海におけるトラフグ系統群について (予報). *漁業資源研究会議・西日本底魚部会報*, (19), 77–89.
- 佐藤良三, 1997: 集団遺伝学的手法による系群解析. *トラフグの漁業及び資源管理* (多部田 修編), 恒星社厚生閣, 東京, pp. 41–52.
- Sugita M. and Y. Fujio, 1982: Effects of genotypes at Aat-1 locus on the survival and growth rates in the cultured oyster. *Tohoku J. Agri. Res.*, **33**, 42–49.
- Wada, K.T., 1975: Electrophoretic variants of leucine aminopeptidase of the Japanese pearl oyster *Pinctada fucata* (Gould). *Bull. Natl. Pearl Res. Lab.*, **19**, 2152–2156.

1997年1月13日受理 (Accepted on January 13, 1997)

南海海区水産研究所業績 A 第53号 (Contribution No. A53 from the Nansei National Fisheries Research Institute)

佐藤良三: 南海海区水産研究所 〒739-04 広島県佐伯郡大野町丸石 2-17-5 (R.Sato: Nansei National Fisheries Research Institute, 2-17-5 Maruishi, Ohno, Saeki, Hiroshima 739-04, Japan)

神谷直明: 尾鷲農林事務所 〒591-36 三重県尾鷲市中井浦 1161 (N. Kamiya: Owase Agriculture, Forestry and Fisheries office, 1161 Nakaiura, Owase, Mie 591-36, Japan)

岡田一宏: 三重県尾鷲栽培漁業センター 〒519-39 三重県尾鷲市古江 811-1 (K. Okada: Mie Prefecture Fish Farming Center, Owase, 811-1 Furue, Owase, Mie 519-39, Japan)

鯉江秀亮: 愛知県水産試験場内水面漁業研究所弥富指導所 〒498 愛知県海部郡弥富町大字前ヶ須新田字野方 801-2 (H. Koie: Yatomi Station, Freshwater Resources Center, Aichi Fisheries Research Institute, Yatomi, Ama, Aichi 498, Japan)