

INPFC
DOCUMENT
Ser. No. 2731
Rev. No. _____
_____

# イシイルカの集団構造に関する遺伝生化学的研究

## I. 酵素に関与する遺伝子の分析による集団研究

Biological Genetic Study on Population Structure in  
Dall's Porpoise (*Phocoenoides dalli*)

I. Population Study based on the Analysis of the  
Allelic Variations of Enzymes

沼 知 健 一 ・ 志 村 悦 子

Kenichi Numachi and Etsuko Shimura

東 京 大 学 海 洋 研 究 所

Ocean Research Institute, University of Tokyo

1 9 8 4 年 2 月

February, 1 9 8 4

水 産 庁

Fisheries Agency of Japan

この文書を引用する場合は下記による：

沼知健一・志村悦子 1984. イシイルカの集団構造に関する生化学的研究 I. 酵素に関与する遺伝子の分析による集団研究. 1984年3月 北太平洋漁業国際委員会 海産哺乳動物特別小委員会科学分科会 提出文書, 東京大学海洋研究所, 6 pp.

# イシイルカの集団構造に関する遺伝生化学的研究

## I. 酵素に関与する遺伝子の分析による集団研究

東京大学海洋研究所 沼 知 健 一

” 志 村 悦 子

酵素分子の構造を決定している遺伝子の変異を標識にした集団遺伝学的研究法は、集団構造を解明する有用な方法として各種の生物に用いられ、魚類などの海産生物にも応用されて成果をあげてきた。我々は、この手法により、10種類の歯鯨類について研究し、遺伝的変異性や各種間の遺伝的類縁関係と分化等についての知見を得てきた。我々は、さらにこれらの知見等をもとにしながら、北太平洋に広く分布しているイシイルカ（イシイルカとリクゼンイルカ）の集団構造を明らかにする一連の遺伝生化学的研究を行なっている。この報告は、その一連の研究の1部として酵素に関与している18遺伝子座の分析をもとにイシイルカの集団構造を検討した結果を示すものである。

### 材 料 と 方 法

この研究では、イシイルカ1,112頭とリクゼンイルカ417頭をふくむ合計1,529頭を標本に酵素型を分析した。これらの標本は、1979年～1981年に北太平洋で捕獲されたもので、捕獲海域等によって大別すると次の通りである（図-1）。

I アリューシャン海域：1979年度および1981年度に北洋鮭鱒流し網母船式漁業で混獲されたイシイルカと1980年6～7月と1982年8～9月に水産庁調査船第81、第12宝洋丸による調査で捕獲されたイシイルカ。

II アリューシャン南方海域：基地式鮭鱒漁業で混獲され、釧路港に水揚げされたイシイルカ。Iと同様、漁期内に捕獲されたものであるが、捕獲位置はIより南方。

III 北海道近海：10～11月襟裳岬東岸を主漁場として、突棒漁で漁獲されたイシイルカとリクゼンイルカ。

IV 三陸沿岸：1～3月、岩手県大槌周辺の三陸沿岸で突棒漁で漁獲されたリクゼンイルカを主体とするもの。

酵素型とこれに関与している遺伝子型の分析は、これらの標本から個体ごとに切出して、冷凍保存した肝臓と骨格筋を用いて行なった。分析は組織を解凍して得られる少量のドリップを試料に、デンブングルを用いたザイモグラム法によって行なった。分析した酵素の種類とこれらに関与している遺伝子座数は、それぞれ12種類、18座である。表-1に見るように骨格筋では分析できないものがあるため、骨格筋しか得にくかったIII、IV海域では分析した酵素、遺伝子座がI、IIに比べて少なかった。

上記試料の入手は、I、IIについては米国側研究者Dr. Linda Jonesおよび母船に乗船したオブザーバーと水産庁の協力によるものであり、IVの試料の一部は国立科博宮崎信之博士の協力によった。記して深謝する。

## 結 果

### 1. 集団における表現型と遺伝子度数

イシイルカの集団構造については定説がない。近年Kasuya(1978)は、北西太平洋に分布するイシイルカを生活史と体色をもとに次の独立した3集団から構成されているとした。a) 日本沿岸太平洋側に分布するリクゼンイルカを主体とする群、b) 西ベーリング海、北西太平洋に分布するイシイルカ主体の群、および c) 日本海とオホーツク海に分布するイシイルカからなる群である。東太平洋については、これらとは別の少なくとも1つの大きな集団があると考えられているが、明らかではない。

ここでは、とりあえず捕獲場所(I~IV)と体色の違い(III-dalliイシイルカ、III-trueirikゼンイルカ)により、5標本群に分け(表-2)、各標本群ごとに表現型や遺伝子度数を求めて、比較検討した。

分析した諸酵素のうちLDH-A、LDH-Bアイソザイム系およびSODでは、各標本群のほとんどの個体が全く同じ泳動像を示し、泳動的変異はごく少数の個体でしか検出されなかった。このような変異は、これらの分子形を決定している遺伝子座*Ldh-A*、*Ldh-B*あるいは*Sod*に突然変異によって生じた対立遺伝子をもつ個体があるために生じるが、集団(標本群)がこのような対立遺伝子をどれほど持っているか、すなわち各標本群ごとに分析した全個体(n)がその座にもっている遺伝子数(2n)に占めるある対立遺伝子数の割合(遺伝子度数)を調べると、これらの3座では1%以下に過ぎない。集団には突然変異によって新しい対立遺伝子がたえず補給されているが、大部分は自然選択等によって消滅し、ごく一部の対立遺伝子だけが集団内にある割合を占めて維持されるようになる。遺伝子度数が1%に達しない対立遺伝子は、集団内に安定して維持されている遺伝子ではないと一般に考えられている。

表-2に遺伝子度数が1%以上の対立遺伝子をもついわゆる多型的遺伝子座と対立遺伝子の種類、各標本群内の度数を示した。多型的遺伝子座は検討した18座のうち15座であった。

対立遺伝子の数は遺伝子座によって異なっているが、これらの遺伝子の組合わせに応じただけの遺伝子型と表現型(泳動型)が生じる。遺伝子座*Sdh*の支配下にあるSDHは2対立遺伝子による3つの遺伝子型と表現型、3対立遺伝子がある*S-Mdh*支配下のS-MDHでは6型の遺伝子型と表現型が生じるというようにである。

多型的な15の酵素のそれぞれについて、各標本群中にふくまれている各表現型(遺伝子型)の出現頻度を求め、これを各標本群ごとに求めた対立遺伝子度数をもとに計算した各型の期待出現数と比較すると、両値はよく一致し、その差の有意性を検定する $\chi^2$ 値は $P > 0.05$ であり、統計的有意差が認め

られない。このことは各標本群を抽出した母集団はそれぞれ表一 2 に示す度数で各対立遺伝子をもち、集団内の各個体は無作為に交配しながら、これらの遺伝子を遺伝的平衡状態で集団中に維持していると考えられる。

各標本群の遺伝的組成を各遺伝子座の対立遺伝子度数で比較して見ると、これらは互いによく類似している。また、標本群によって特異的な対立遺伝子をもつこともない。従って、捕獲水域や体色のちがいで便宜的に区分した標本群は、あるいはそれぞれ遺伝的に独立しているか、さらにいくつかの分集団をふくんでいることがあっても、ここで検討した多型的 15 遺伝子座に関する限りでは、ほとんど遺伝的分化がなく、区別することが出来ない。

## 2. イシイルカの遺伝的変異性

遺伝的変異性の大きさは、一般に、多型的な遺伝子座の割合 (P) あるいは平均異型接合体率 ( $\bar{H}$ ) で示される。 $\bar{H}$  は、検討した各座について求めた異型接合体率 ( $h = 1 - \sum x_i^2$ ,  $x_i$  は i 番目の対立遺伝子の度数) の算術平均である。

表一 3 はイシイルカ類の P と  $\bar{H}$  をその他のイルカ 11 種とともに示したものである。イシイルカは海域によって検討した遺伝子座の遺伝子組成に大きな差はないので、この表ではイシイルカとリクゼンイルカに分けて、P、 $\bar{H}$  をまとめてある。一般に脊椎動物では 20% ほどの座に多型があるとされ、他のイルカはほぼこの水準で多型の座があるが、イシイルカは 40% 以上の座に多型がある。この値はより変異性が大きい貝類などの無脊椎動物の値に近い。遺伝子度数を考慮に入れた値、 $\bar{H}$  について見ると、他のイルカはヒトやネズミなどで得られている値とほぼ同じであったが、イシイルカではこれらの 2 倍ほどの値を示した。この値は貝類など変異性が高い生物で得られているものとほぼ同じである。従って、イルカ類は一般に他の脊椎動物や哺乳類とほぼ同じ変異性をもっていると考えられるが、リクゼンイルカをふくむイシイルカはこれらのなかではきわだって大きい変異性をもっていることが注目される。

## 論 議

イシイルカは、他のイルカ類や一般の哺乳類に比べて明らかに大きい遺伝的変異性を維持していることが示された。変異性の大きさは、イシイルカがもっているいくつかの生態的特性と関連していると考えられるが、その 1 つとして集団の大きさ、遺伝子給源の大きさがあると思われる。このように大きな遺伝的変異性を維持するためには、集団の大きさが担当に大きいことが一般には必要と考えられる。一方、北太平洋の広い海域から得られた標本群はきわめて一樣な遺伝的組成を持つことが示された。このことからこれらの標本群が 1 つの集団から抽出されたたと速断することは出来ない。むしろ、ある程度独立したいくつかの集団があっても、各集団間の遺伝的分化が他の生物に比べかなり小さいものと思われる。このような遺伝的組成の未分化は集団間の遺伝的混合の大きさとも関係していると思われる。

鮭鱒流し網漁業で混獲された I、II の海域の標本群は、繁殖期とそれに続く交尾期にあると考えられ、この時期のこの海域には 1 つの大きな集団があると思われる。一方、北海道沖で秋に漁獲される群は繁

産期の後、回遊、移動している群と考えられるが、これがⅠ、Ⅱと同一かどうか明らかではない。また、Kasuya (1978) は体色が異なるリクゼンイルカを主体とする群を1つの独立した集団と考えているが、これについても明らかな遺伝的ちがいを立証できなかった。

本研究で分析した遺伝子座や標本数はそれほど少なくはない。しかし、これまでの研究ではイルカ類は種間でも遺伝的分化がかなり小さい。従ってさらに多くの遺伝子座を分析して集団の違いを指標できるような座を検索する一方、直接DNAを分析することを検討している。母船や宝洋丸のような調査船を利用し、船上である程度DNAのための分画ができるようになることを希望している。試料については三陸沖の群などでは骨格筋のみしか得にくかったので、今後は肝臓やこれにかわる組織を入手してイシイルカと比較したい。Ⅲ海域については生物学的資料をも分析し、Ⅰ、Ⅱ海域の群とその現状を比較したい。また、出来れば日本海、オホーツク海、東太平洋のイシイルカについても試料を得て分析したいと考えている。

## 文 献

Kasuya T. 1978 : The life history of Dall's porpoise with special reference to the stock off the Pacific coast of Japan. Sci. Rep. Whale Res. Inst., 30 : 63 pp.

Table 1. Enzyme stained for and locus designation.

locus	gene	I	II	III		IV
		dal11	dal11	dal11	true1	true1
s-Mdh	n	0.985	0.991	0.997	0.982	0.984
	s	0.008	0.009	---	0.009	0.013
	f	0.007	---	0.003	0.009	0.003
m-Mdh	n	0.973	0.963	0.987	0.964	0.973
	s	0.022	0.037	0.013	0.036	0.024
	s'	0.002	---	---	---	---
	f	0.002	---	---	---	0.003
	s''	0.001	---	---	---	---
s-Icd	s	0.706	0.686	0.717	0.732	0.702
	f	0.286	0.278	0.283	0.268	0.289
	r	0.005	0.019	---	---	0.006
	s'	0.002	0.009	---	---	---
	s''	0.001	0.009	---	---	0.003
m-Icd	n	0.908	0.955	0.948	0.938	0.901
	s	0.091	0.045	0.052	0.062	0.099
	s'	0.001	---	---	---	---
Me	n	0.904	0.907	0.902	0.833	0.892
	f	0.083	0.093	0.095	0.157	0.103
	s	0.009	---	0.003	---	0.003
	f'	0.004	---	---	0.010	0.002
6-Pgd	n	0.958	0.981	0.974	0.973	0.965
	s'	0.026	0.019	0.023	0.009	0.015
	s1	0.010	---	---	0.018	0.017
	s2	0.005	---	0.003	---	0.003
Sdh	s	0.515	0.491	---	---	0.559
	f	0.485	0.491	---	---	0.441
s-Aat	a	0.983	1.000	0.997	0.991	0.976
	b	0.017	---	0.003	0.009	0.024
m-Aat	a	0.991	0.955	1.000	0.974	1.000
	b	0.009	0.045	---	0.026	---
Pgm-1	n	0.989	1.000	1.000	1.000	0.979
	s	0.001	---	---	---	0.004
	f	0.010	---	---	---	0.017
Pgm-2	n	0.856	---	---	---	0.861
	f	0.068	---	---	---	0.111
	s	0.076	---	---	---	---
	r	---	---	---	---	0.028
Pgm-3	f	0.723	0.759	---	---	0.784
	s?	0.199	0.222	---	---	0.189
	e?	0.048	0.019	---	---	0.027
	r	0.011	---	---	---	---
Mpi	u	0.019	---	---	---	---
	n	0.770	0.791	0.826	0.786	0.809
	s	0.199	0.181	0.148	0.205	0.170
	e	0.015	0.010	0.020	0.009	0.005
	f	0.012	0.018	0.006	---	0.013
	m	0.002	---	---	---	0.001
Phi	u	0.001	---	---	---	0.001
	l	0.001	---	---	---	0.001
	n	0.956	0.937	---	---	0.973
	s	0.006	0.009	---	---	---
	e	0.014	0.036	---	---	0.027
Est	f	0.011	0.009	---	---	---
	m	0.004	0.009	---	---	---
	n	0.967	0.964	0.997	0.956	0.973
	s	0.027	0.036	---	0.035	0.024
	f	0.004	---	0.003	---	0.003
u	u	0.002	---	---	---	---
	s'	---	---	---	---	0.009

Table 2. Gene frequencies at the 15 polymorphic loci in the 5 group of dalli and truei porpoise.

Species	Proportion of polymorphic loci (P)*		Average heterozygosity (H**±S.E.)
	(1)	(2)	
<u>Berardius bairdii</u>	0.053	0.053	0.042±0.178
<u>Globicephala macrorhynchus</u>	0.368	0.316	0.050±0.024
<u>Peponocephala electra</u>	0.105	0.105	0.038±0.026
<u>Pseudorca crassidens</u>	0.368	0.263	0.043±0.020
<u>Stenella coeruleoalba</u>	0.526	0.263	0.096±0.036
<u>S. attenuata</u>	0.474	0.263	0.093±0.036
<u>Tursiops truncatus</u>	0.158	0.158	0.040±0.026
<u>Lagenorhynchus obliquidense</u>	0.316	0.316	0.099±0.043
<u>Steno bredanensis</u>	0.158	0.158	0.007±0.005
<u>Phocoena phocoena</u>	0.158	0.158	0.086±0.052
<u>Phocoenoides dalli</u> (dalli)	0.947	0.421	0.159±0.042
<u>P. dalli</u> (truei)	0.789	0.474	0.166±0.045
<u>Neophocaena phocaenoides</u>	0.0	0.0	0.0
Average	0.336±0.284	0.227±0.034	0.071±0.014

\* Polymorphic loci are defined as those where the variant alleles are found at more than 1%(1) or 5%(2) in the gene frequencies.

\*\*  $\bar{H}$  is calculated by averaging the value of heterozygosity for each locus (h) over all loci.  $\bar{H}$  is defined as  $1 - \sum x_i^2$ , where  $x_i$  is the frequency of the i-th allele.



Table 3. Summary of genetic variability in the toothed whales.

Enzyme	Loci encoding	Tissue used
Lactate dehydrogenase	<u>Ldh-A</u>	Liver & Muscle
	<u>Ldh-B</u>	L & M
Malate dehydrogenase	<u>s-Mdh</u>	L & M
	<u>m-Mdh</u>	L & M
Isocitrate dehydrogenase	<u>s-Icd</u>	L & M
	<u>m-Icd</u>	L & M
Malic enzyme	<u>Me</u>	L & M
6-Phosphogluconate dehydrogenase	<u>6-Pgd</u>	L & M
Sorbitol dehydrogenase	<u>Sdh</u>	L
Superoxide dismutase	<u>Sod</u>	L & M
Aspartate aminotransferase	<u>s-Aat</u>	L & M.
	<u>m-Aat</u>	L & M
Phosphoglucomutase	<u>Pgm-1</u>	L & M
	<u>Pgm-2</u>	L
	<u>Pgm-3</u>	L
Mannose phosphate isomerase	<u>Mpi</u>	L & M
Phosphohexose isomerase	<u>Phi</u>	L
Esterase	<u>Est</u>	L & M

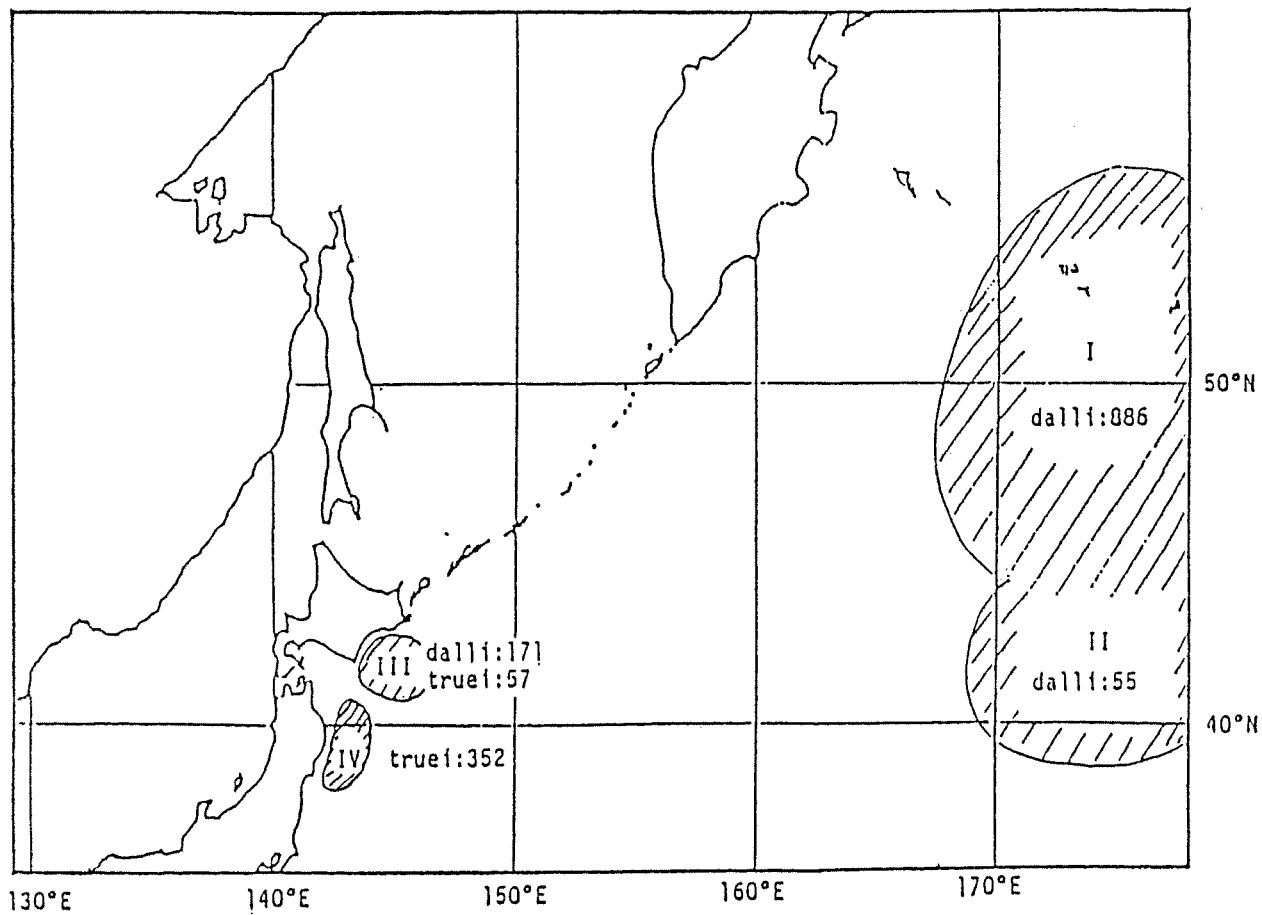


Fig.1. Sample localities and number of specimens sampled of dalli and truei porpoise.

Not to be cited by  
INPFC Document number

INPFC  
Doc. 2731  
Rev. 1

TRANSLATION

BIOCHEMICAL GENETIC STUDY ON POPULATION STRUCTURE

IN DALL'S PORPOISE (PHOCOENOIDES DALLI)

I. POPULATION STUDY BASED ON THE ANALYSIS OF THE  
ALLELIC VARIATIONS OF ENZYMES

Kenichi Numachi and Etsuko Shimura

Ocean Research Institute

University of Tokyo

1984 February

THIS PAPER MAY BE CITED IN THE FOLLOWING MANNER:  
Numachi, Kenichi, and Etsuko Shimura. 1984.  
Biochemical genetic study on population structure  
in Dall's porpoise (Phocoenoides dalli),  
I. Population study based on the analysis of the  
allelic variations of enzymes. (Document  
submitted to the International North Pacific  
Fisheries Commission, 1984 February.) 7 p.  
Fisheries Agency of Japan, Tokyo, Japan.

Analyses of genetic variations in enzyme molecules make possible the study of populations of various organisms, including marine mammals, from a population genetic point of view. We have examined ten species of toothed whales using this method and have obtained information on their genetic variability, genetic relationship between species, and separation, etc. Based on this information, we are now conducting a series of biochemical genetic studies to clarify the population structure of Dall's porpoise which are widely distributed in the North Pacific.

This report shows the results of a portion of the above studies in which 18 genetic loci coding for enzymes were analyzed.

#### 1. Materials and methods

A total of 1,529 Dall's porpoise (1,112 dalli-type and 417 truei-type) were used for the genetic study. These were taken in the North Pacific during the period 1979 to 1981 as follows (Fig. 1):

- I. Aleutian waters--dalli-type incidentally caught in the salmon mothership fishery operation in 1979 and 1981 and those caught by the dedicated vessels Hoyo maru No. 81 and Hoyo maru No. 12 during June to July 1980 and August to September 1982, respectively.
- II. Southern Aleutian waters--dalli-type incidentally caught by the landbased salmon fishery and landed at the Port of Kushiro. The location of the catch was south of the above Aleutian waters.
- III. Off the Hokkaido coast--dalli and truei-types caught by harpoon fishery on the main fishing ground off the east coast of Cape Erimo, Hokkaido, during October and November.
- IV. Off the Sanriku coast--mainly truei-type caught by harpoon fishery near Ohzuchi, Iwate, January to March.

Frozen liver tissues and skeletal muscle tissues collected from each of these porpoises were used in analyses for enzyme types and encoded genotypes. The analyses were based on the zymograms from starch gel electrophoresis of small amounts of drip obtained from thawing tissue.

Twelve enzymes coded by 18 genetic loci were analyzed. As shown in Table 1, some enzymes cannot be analyzed using skeletal muscle alone. The numbers of enzymes and genetic loci were lower in Areas III and IV, where only skeletal muscles were obtained, compared to the other areas.

I acknowledge, with thanks, the help of Dr. Linda Jones and observers of the United States, and the Fisheries Agency of Japan, who cooperated in collecting the specimens in Areas I and II, and Dr. Nobuyuki Miyazaki of the National Museum of Science who cooperated in collection of some specimens in Area IV.

## 2. Results

### (1) Phenotype and gene frequency in the population

There is no established explanation of the population structure of Dall's porpoise. Recently, Kasuya (1978)\* reported that Dall's porpoise are considered to be comprised of the following three independent groups based on their life history and body color: (a) a group mainly consisting of truei-type distributed off the Pacific coast of Japan, (b) a group mainly consisting of dalli-type with distribution in the western Bering Sea and northwest Pacific, and (c) a group of dalli-type distributed in the Sea of Japan and Sea of

-----  
\*Kasuya, T. 1978. The life history of Dall's porpoise with special reference to the stock off the Pacific coast of Japan. Sci. Rep. Whales Res. Inst., 30: 1-63.

Okhotsk. In the eastern Pacific, it is considered that there exists at least one other large independent group of Dall's porpoise but this has not been confirmed.

In this report, phenotype and gene frequency are compared for five groups of specimens divided by the location caught and body color, i.e., Areas I (dalli), II (dalli), III (dalli), III (truei), and IV (truei) (Table 2).

Among enzymes analyzed, LDH-A and LDH-B (isozyme systems) and SOD showed almost the same electrophoretic patterns in most samples in each group. Electrophoretic variants were found only in a small number of individuals. These variants occur due to the existence in some individuals of alleles caused by mutation in genetic loci Ldh-A, Ldh-B or Sod which determine the molecular structure.

We determined the number of alleles in each of the 4 groups of specimens, that is, the ratio of the number of alleles present at a particular locus to the total number possible ( $2n$  or twice the number ( $n$ ) of individuals sampled). The ratios were less than 1% for the three loci noted above. Although new alleles are continuously formed in a population of animals, most will be eliminated by natural selection and only a limited number of the alleles will be maintained in a population at a certain ratio. An allele with the ratio less than 1% is generally considered a gene which has not been maintained with stability within a population of animals.

Names of so-called polymorphic loci, which have alleles with gene frequency value more than 1%, and alleles and frequency for each sample group are shown in Table 2. The number of polymorphic loci was 15 out of 18 loci examined.

The number of alleles varied by locus, and genotypes and phenotypes (electrophoretic type) occur in combinations of these alleles. For example, SDH, which is in the locus Sdh, has 3 genotypes and phenotypes because of its two alleles, and S-MDH, which has three alleles in the locus S-Mdh, has six genotypes and phenotypes.

The frequency of occurrence of each phenotype (genotype) for the 15 polymorphic enzymes was obtained and compared with expected occurrence for each type as calculated from the allelic frequency for each population. Both values agreed well and showed no significant difference in chi-square tests ( $P > 0.05$ ). Then, it is considered that each group from which the samples were collected has alleles at the frequency shown in Table 2 and individuals within a group mated at random and maintained these genes within their population in a genetically equilibrium condition.

Comparing allele frequency in each locus, the genetic compositions of sample groups quite resembled one another and no peculiar alleles were found. Therefore, sample groups which were divided for convenience sake by area caught and by body color showed almost no genetic divergence and cannot be divided as far as the 15 polymorphic loci examined here are concerned although they may actually be independent of each other or consist of several sub-populations.

## (2) Genetic variability of Dall's porpoise

The degree of genetic variation is generally shown by the proportion of polymorphic genetic loci ( $P$ ) or average heterozygosity ( $\bar{H}$ ), which is an arithmetic mean of heterozygosities ( $h = 1 - \sum \chi_i^2$ , where  $\chi_i$  is frequency of the  $i$ th allele).

Table 3 shows  $P$  and  $\bar{H}$  values for Dall's porpoise as well as eleven other species of toothed whales. Because not much difference was found in gene composition in loci for Dall's porpoise,  $P$  and  $\bar{H}$  are shown individually for the dalli-type and truei-type. It is generally stated that vertebrates have polymorphic loci in 20% of total loci. Although this level can be applied for the other toothed whales, Dall's porpoise show polymorphism in more than 40% of total loci. This value is close to those for invertebrates such as shellfish, etc., which have higher variability. As for the  $\bar{H}$  value, which contains an element of gene frequency, the values of other toothed whales are similar to those for humans and rats, etc., but the value for Dall's porpoise is twice the value for these animals. The Dall's porpoise value was also similar to those for animals which have high variability such as shellfish. It is noteworthy that Dall's porpoise has very high variability compared to other toothed whales and vertebrates.

### 3. Discussion

It was shown that Dall's porpoise has apparently higher variability than other toothed whales and vertebrates. The high variability is considered to be related to some ecological characteristics of Dall's porpoise such as a large population size and gene pool. It is considered that a very large population is necessary to maintain such a high genetic variability. On the other hand, it has been shown that specimens of Dall's porpoise collected in various areas in the North Pacific Ocean have quite similar genetic composition. However, we cannot conclude that they belong to the same population. It is more reasonable to state that, although Dall's porpoise have several independent populations, genetic differentiation between populations is much smaller than for other animals. The low level of differentiation is considered to be related to the scale of genetic intermingling between populations.



Collection of specimens by the salmon fisheries in Areas I and II was made during breeding and following coitus periods and it is considered that a large single population is present in these areas during that season. While Dall's porpoise caught off Hokkaido in the fall are considered to be those travelling or migrating after breeding, it is not clear whether they are the same population as caught in Areas I and II. Further, although Kasuya (1978) regarded a group which mainly consists of truei-type as an independent single population, no genetic evidence was found in this study.

The numbers of specimens and genetic loci examined in this study were not small but genetic differentiations even between species of toothed whales are small. Therefore, it is necessary to detect genetic loci which will enable indication of difference in populations by examining more loci. We are also examining the possibility of comparing DNA directly. We hope that we can have some space for DNA analyses on board a vessel such as a salmon mothership and the Hoyo maru. Regarding the materials, only skeletal muscle was obtained for areas off the Sanriku coast, etc. For this study, we want, in the future, to also obtain liver or other organs to make comparisons. For Area III, we want to analyze biological data to compare with groups in Areas I and II. Further, if possible, we want to have specimens for analyses from the Sea of Japan, Sea of Okhotsk, and the eastern North Pacific.

-----

TABLES 1 TO 3 AND FIG. 1 FOLLOW