HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	相互転座分析法による連鎖分析、特に第Ｉ連鎖群について : 稲の交雑に関する研究、第ＬＸIV報
Author(s)	木下, 俊郎; 高橋, 萬右衛門; 佐藤, 茂俊
Citation	北海道大学農学部邦文紀要, 9(3), 259-263
Issue Date	1975-03-20
Doc URL	http://hdl.handle.net/2115/11876
Type	bulletin (article)
File Information	9(3)_p259-263.pdf

Instructions for use

Hokkaido University Collection of Scholarly and Academic Papers : HUSCAP

相互転座分析法による連鎖分析，特に第I連鎖群について

——稲の交雑に関する研究，第LXIV報*——

木下俊郎・高橋萬右衛門・佐藤茂俊
(北海道大学農学部育種学教室)

(昭和49年11月11日受領)

Linkage analysis by reciprocal translocation method, with special references to the first linkage group

—Genetical studies on rice plant, LXIV—

Toshiro, KINOSHITA, Man-emon TAKAHASHI and Shigetoshi, SATO
(Plant Breeding Institute, Faculty of Agriculture, Hokkaido University, Sapporo, Japan)

(Received Nobember 11, 1974)

緒　論

稲の第I連鎖群では，糯遺伝子 (wx) や花青素色原素遺伝子 (C) をはじめ15種の遺伝子座が明らかとなっており，第II連鎖群と並んで遺伝子座位の数が多い。また，転座分析法により，第I連鎖群には第6染色体が対応し，3種の転座点の位置が知られている。(岩田・大村 1971, 佐藤ら 1973)。

著者らは従来の連鎖群に染色体的基礎を与える目的で，一連の転座分析をすすめているが，今回は第I連鎖群についての新知見並びに5種の転座点を含む連鎖地図の作成について報告する。

なお実験調査に当り，菊地治巳氏の御協力を得た。深く謝意を表する。

実験材料及び方法

相互転座ホモ系統及び標識遺伝子型系統として本研究に供試されたのは Table 1 に示す20系統である。転座分析にあたっては，出穂の遅延にもとづく不稔の発生を防ぐために，F_1 個体からの採種は岩手県水沢市で行ない，F_2 集団は山形市の実験圃場で栽培された。したがって，転座ヘテロによる不稔型と転座ホモあるいは正常ホモによる稔実型の分離を明確に区別することができた。組換価の算出にあたっては JOACHIN による方法や IMMER 法を適宜使用した。

Table 1. List of the translocation lines and linkage testers

a. RT-lines

Stock. No.	Translocated chromosomes	Origin
RT 1-2	1, 2	Okute-asahi X-15
RT 1-3 a	1, 3	Norin-8 1-25, 0
RT 1-3 b	1, 3	Norin-8 1581
RT 1-8	1, 8	Norin-8 1288
RT 1-10	1, 10	Norin-8 1533
RT 3-4 b	3, 4	Norin-8 14-15, 0
RT 3-6	3, 6	Okute-asahi X_2-7
RT 3-8 a	3, 8	Okute-asahi A_2-2
RT 3-8 b	3, 8	Okute-asahi A_2-4
RT 3-12	3, 12	Norin-8 1509
RT 5-6	5, 6	Okute-asahi X-120
RT 6-8	6, 8	Atomic bombed rice
RT 6-10	6, 10	Norin-8 1470
RT 8-10	8, 10	Norin-8 1244

* 北海道大学農学部育種学教室業績.

b. Linkage testers

Stock. No.	Marker gene	Character expression
H- 69	*fs*, *nl*, C^{Bp}	fine stripe, neck leaf, Chromogen
H-137	*fs*, *nl*, *Dn*	" , " , Dense panicle
H-140	*fs*, d_1, *ri*, bl_1, C^{Bp}	" , daikoku-dwarf, verticillate rachis, brown discoloration of leaves, Chromogen
H-316	*fs*, *Hg*, C^{Bp}, *A*, *Pr*	" , Hairly glume, Chromogen, Activator, Purple hull
H-337	*Cl*	Clustered spikelets
H-339	*Cl*	"

Table 2. Linkage relations between the gene for fine stripes, *fs* and translocation break-points in the 6th chromosome

Cross Combi.		F_2 Segregation				Total	Recomb. value (%)	Goodness of fit		
		+F	+S	*fs* F	*fs* S			χ^2	d. f.	P
RT 3-6×H-140	O	202	255	102	55	614	22.1±3.00	0.200	3	0.95-0.98
	C	206.4	254.1	100.6	52.9					
RT 5-6×H-137	O	76	155	56	15	302	9.4±2.43	4.847	3	0.10-0.20
	C	88.35	138.15	62.65	12.85					
RT 6-8×H-69	O	101	213	112	0	426	0	0.568	2	0.70-0.80
	C	106.5	213.0	106.5	0					
RT 6-10×H-69	O	61	100	32	11	204	13.4±3.64	2.493	3	0.30-0.50
	C	62.8	90.2	39.2	11.8					

F…fertile, S…semi-sterile, O…observed numbers, C…calculated numbers from the recombination value.

Table 3. Independent relations between *fs* and translocation break-points

Cross Combi.	F_2 Segregation				Total	Goodness of fit (3:3:1:1)		
	+F	+S	*fs* F	*fs* S		X^2	d. f.	P
RT 1-2×H-69	155	163	47	42	407	2.586	3	0.3-0.5
RT 1-3 a×H-140	149	173	54	45	421	3.089	3	0.3-0.5
RT 1-3 b×H-140	164	188	61	67	480	2.611	3	0.3-0.5
RT 1-8×H-140	220	246	90	79	635	3.064	3	0.3-0.5
RT 1-10×H-137	150	159	55	49	413	0.617	3	0.8-0.9
RT 3-4 b×H-140	193	215	64	56	528	3.162	3	0.3-0.5
RT 3-8 a×H-69	116	114	35	34	299	0.621	3	0.8-0.9
RT 3-8 b×H-140	167	202	61	63	493	3.352	3	0.3-0.5
TR 3-12×H-140	183	215	75	66	539	3.521	3	0.3-0.5
RT 8-10×H-140	190	182	46	59	477	3.867	3	0.2-0.3

実 験 結 果

A. 赤毛縞遺伝子の所属連鎖群

赤毛縞は品種「赤毛」のX線処理によって誘発された突然変異形質で，葉面に刷毛ではいたようなかすり状の白縞を生ずる。これまで単純劣性遺伝子，fs_1 による形質で，第VII連鎖群に座位を占めるものとされて来た。今回の実験では，「赤毛縞」形質を有する検定系統と第6染色体を含む転座系統の交雑の F_2 において，Table 2 に示す如き連鎖関係が明らかとなった。したがって，少なくとも「赤毛縞」に関する遺伝子の一つには，第Ⅰ連鎖群に所属するものがあってよいと考えられる。なお第6染色体を除く他の染色体について転座点をもつ系統を用いた交雑では独立関係のみが得られた (Table 3)。

B. 赤毛縞，花青素色原素及び叢性小花に関する3種の遺伝子間の連鎖関係

交雑組合わせ H-69×H-337 の F_2 集団においては赤毛縞，色原素及び叢性小花についてそれぞれ単遺伝子分離を生じた。これらの形質に関与している3遺伝子について，2遺伝子間ずつ連鎖関係を検討したところ (Table 4), *fs* (赤色縞) と *C* (色原素) 間では約0.8% という組換価をもって強度の連鎖関係が見出されたと共に，*fs* と *C* の

Table 4. Linkage relations of genes belonging to the 1st linkage group

Cross: H-69×H-337 F_2-1

Gene pair.		F_2 Segregation AB	Ab	aB	ab	Total	Linkage phase	Recomb. value (%)	Goodness of fit χ^2	d. f.	P
fs-Cl	O	617	6	2	209	834	Coup	0.8	0.297	2	0.80-0.90
	C	622.06	6.88		205.06						
fs-C	O	454	169	183	28	834	Rep	37.6	0.850	3	0.80-0.90
	C	446.5	179.0	179.0	29.5						
C-Cl	O	453	184	166	31	834	Rep	39.1	1.009	3	0.70-0.80
	C	448.93	176.57	176.57	31.93						

Table 5. Linkage relations between *fs* and *Cl* in coupling phase

Cross Combi.		F_2 Segregation *Cl+*	*Cl fs*	++	*+fs*	Total	Recomb. value (%)	Goodness of fit χ^2	d. f.	P
H-316×H-339 : 1	O	55	2	4	15	76	8.0	0.061	2	0.70-0.80
	Corr*	55.00	2.31	4.00	17.35	78.66				
	C	55.99	6.02		16.66					
〃 : 2	O	121	5	8	11	145	16.1	3.824	3	0.20-0.30
	Corr	121.00	13.44	17.68	42.88	195.00				
	C	131.85	14.40		34.35					
〃 : 3	O	157	2	35	25	209	9.2	6.726	2	0.02-0.05
	Corr	157.00	4.49	26.50	57.67	245.66				
	C	173.50	21.50		50.66					
H- 69×H-337 〃 : 2	O	516	1	32	178	727	15.9	32.249	2	<0.01
	Corr	628.78	1.24	32.00	181.65	843.67				
	C	626.09	13.33		204.25					

* Corrected number of the observation.

間，並びに C と Cl (叢性小花) の間にも，やや弱いながらも連鎖関係を示すような組換価が得られた。fs と Cl 間の連鎖関係については，他の交雑組合わせ，H-316×H-339 の F_2 についても検討を加えたところ，組換価は前記の交雑組合わせの場合よりもやや大きいが，連鎖関係は確認された (Table 5)。ただし F_1 個体を異にすることにより，2種の組換型の出現頻度が互いにかなり異なる場合がみられた。なお，いずれの組合わせでも，赤毛縞形質の出現頻度が期待値よりも過少であったので，組換価の算出に当っては，観察結果を補正して計算した。

C. 連鎖地図

第6染色体についての5種の転座点と wx, C, fs 及び Cl の4標識遺伝子を用いて，連鎖地図を作製したところ，Fig. 1 の如くなった。動原体の位置や，長腕あるいは短腕における転座点の位置に関しては，別に細胞学的観察をすすめている。

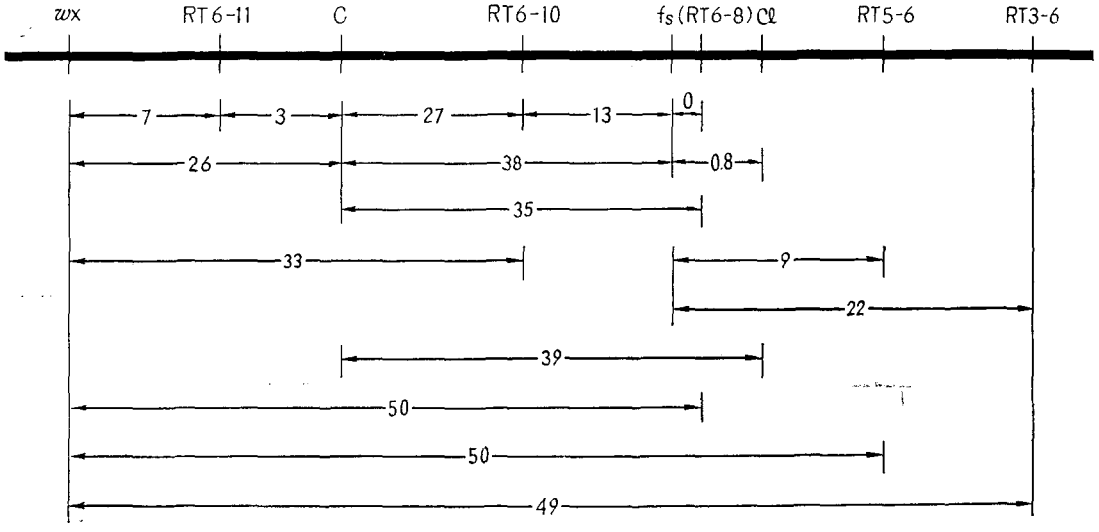

Fig. 1. Trial construction of the map of genes on the 6th chromosome (1st linkage group).

論　　考

KRAMER *et al* (1954) による転座分析の結果，オオムギの第 III 及び第 VII 連鎖群が同一の染色体上にあることが判明したのは有名な出来事である。著者らの実験結果においても，転座分析により赤毛縞遺伝子が第 I 連鎖群とそれに対応する第6染色体上にあることが明らかとなり，叢性小花遺伝子と赤毛縞遺伝子の連鎖関係も，これを支持する結果となった。今後，赤毛縞遺伝子が第 VII 連鎖群所属の fs_1 と全く同一であることが実証されたならば，第 VII 連鎖群の一部は第 I 連鎖群と共に第6染色体上にあるという事が成立する可能性を生じた。ただ同じく第 VII 連鎖群に所属している Dn (密穂性) は，転座分析により，すでに別の第 I 染色体にあるという結果を得ているので，現在は残りの Ur (枝梗彎曲) 及び Hl_1 (長葉毛) についての再分析を行なっている。

第 I 連鎖群の地図 (高橋・木下 1974) では，wx, C, 及び Cl の位置はそれぞれ原点から 22, 44 及び 95 の距離にあり，これらと赤毛縞遺伝子及び5種の転座点の位置関係を知り得たから，今後の細胞学的観察と相俟って，第6染色体上における遺伝子の配列をかなり詳細に知ることも可能となってきた。

摘　　要

第 I 連鎖群と対応する第6染色体について転座分析をすすめた結果，新たに赤毛縞に関する遺伝子が Cl (叢性小花) に近接して座位を占めることが示されてきた。また，4種の標識遺伝子と5種の転座点の位置関係が明らかとなり，ここに Fig. 1 のような第 I 連鎖群の地図が試作された。

引 用 文 献

岩田伸夫・大村　武 (1971): 相互転座法によるイネの連鎖分析 II, 染色体 5, 6, 8, 9, 10, 11 に対応する連鎖群. 九大農学芸雑誌 **25**: 137-153.

KRAMER, H. H., ROSEMARIE, V. and W. D.

HANSON (1954): The association of two genetic linkage groups in barley with one chromosome. Genetics **39**: 159-168.

佐藤茂俊・木下俊郎・高橋萬右衛門 (1973): 西村の相互転座系統利用による稲の連鎖分析. 北大農邦文紀要 8(4): 367-376.

高橋萬右衛門・木下俊郎 (1974): 稲連鎖地図の現況. 育雑 24 別(1): 124-125.

Summary

It is known in rice plants that the 1st linkage group consisting of 15 kinds of gene loci, containing the genes for waxy endosperm, chromogen, clustered spikelets etc., corresponds to the 6th chromosome.

In this report, the authors found that the gene for fine stripes of seedlings, referred to as "Akage-shima", is located closely to the locus of *Cl* (clustered spikelets) on the 6th chromosome, in the course of linkage analysis using translocation lines. There is a possibility that part of the 7th linkage group and the 1st linkage group is associated with the 6th chromosome, if the genic identification with the gene, fs_1 (fine stripes) and the loci of the genes of the 7th group are re-examined. At present, the gene *Dn* (dense panicle) belonging to the 7th linkage group has been assigned to the 1st chromosome.

Translocation-gene linkages involving the 6th chromosome (1st linkage group) are presented diagrammatically as shown in Fig. 1.