



Title	西村の相互転座系統利用による稲の連鎖分析：稲の交雑に関する研究、第LIV報
Author(s)	佐藤, 茂俊; SATO, Shigetoshi; 木下, 俊郎 他
Citation	北海道大学農学部邦文紀要, 8(4), 367-376
Issue Date	1973-03-30
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/11842
Type	departmental bulletin paper
File Information	8(4)_p367-376.pdf



西村の相互転座系統利用による稲の連鎖分析

— 稲の交雑に関する研究, 第 LIV 報¹⁾ —

佐藤茂俊・木下俊郎・高橋萬右衛門

(北海道大学農学部育種学教室)

Linkage analysis of rice plant, by the use of NISHIMURA'S
reciprocal-translocation lines.

— Genetical studies on rice plant, LIV —

Shigetoshi SATO, Toshiro KINOSHITA and Man-Emon TAKAHASHI

(Plant Breeding Institute, Faculty of Agriculture,
Hokkaido University, Sapporo, Japan)

Received, August 29, 1972

緒 論

半数染色体数から期待される稲の12連鎖群は既に作成されているが(長尾・高橋, 1960, 1963; 高橋, 1963; 高橋・木下, 1968), その染色体的基礎を明らかにするためには細胞遺伝学的方法によらねばならない。その為の手段として各種作物にて可能なものに零染色体, 三染色体個体の作出ならびに相互転座個体の利用などがある。稲では零染色体の利用は望み薄であるが, その他は可能であり, 既に夫々の研究が進められている。即ち三染色体利用では HU (1968), IWATA *et al.* (1970) の報告, また相互転座利用では西村(1961), 岩田・大村(1971a, b)がある。然しその知見は未だ不十分であり, 今後共多くの研究が重ねられる必要がある。

著者等も標識遺伝子型系統のいくつかについて転座ホモ系統の育成を通して, この分野の研究を行ないつつあるが, 同時にまた既往の研究者の使用系統を用いることによって研究基盤の統一を常に心がけている。今回報告せんとするものは西村(1961)の作成した系統を用いた結果についてである。この系統は同時に岩田・大村(1971a, b)に依っても用いられていることから, 両者の結果は直ちに对照或いは補填し得る利点をもつ。加えて転座ヘテロ及び転座ホモ系統間交雑 F₁ 個体に於ける Pachytene analysis から染色体地図作成は可能である。

なお転座分析は質的形質のみならず耐病性や出穂期, 草丈など育種上重要な形質の遺伝子分析にも応用出来ることを附記する(張, 1960)。

本文に入るに先立ち, 研究材料の作成者西村米八博士と種々御高配を賜わった島山国土博士に謝意を表する。

材料及び方法

西村(1961)により作成された転座ホモ系統のうちで今回供試されたものとその来歴は Table 1 の如くである。これらの転座系統との交配実験に供されたのは, 北海道大学農学部作物育種学教室で保存されている Linkage tester であり, それらの系統の有する標識遺伝子とそれによる形質発現は, Table 2 及び Table 3 に示されている。

転座分析法では, F₂ 集団に於ける稔性の分離調査を不可欠とする。転座ホモ系統は総て感光性が高い系統であり, 出穂の遅延による不稔の発生を防ぐ為 F₂ 集団は山形市の実験圃場に栽培された。因に転座ホモ系統の種子稔性は通常品種と変わりなく, 総て 90~100% の中に入る。

連鎖関係の推定に当たっては連鎖の χ^2 値の有意性を検討した後に JOACHIN の方法に依り切断点と標識遺伝子との間の組換価を計算した。なお 2 つの標識遺伝子間の通常分離様式に基づく組換価の算出は IMMER の方法に依っている。

1) 北海道大学農学部育種学教室業績

Table 1. List of the NISHIMURA's translocation homozygote lines (R. T. lines) used

RT line No.	Translocated chromosomes	Origin
RT 1-2	1, 2	Okute-asahi-X-15
RT 1-3a	1, 3	Norin 8-1-15, 0
RT 1-3b	1, 3	" 8-1581
RT 1-8	1, 8	" 8-1288
RT 1-10	1, 10	" 8-1533
RT 3-4a	3, 4	Okute-asahi-X-61
RT 3-4b	3, 4	Norin 8-4-15, 0
RT 3-6	3, 6	Okute-asahi-X ₂ -7
RT 3-8b	3, 8	" -A ₂ -4
RT 3-11a	3, 11	" -X ₂ -4
RT 3-11b	3, 11	Norin 8-44
RT 3-11c	3, 11	" 8-1267
RT 3-12	3, 12	" 8-1509
RT 5-6	5, 6	Okute-asahi-X-120
RT 5-9	5, 9	" -X-69
RT 6-10	6, 10	Norin 8-1470
RT 6-11	6, 11	Okute-asahi-X-204
RT 7-8a	7, 8	" -AC-13
RT 7-8b	7, 8	" -X-205
RT 7-9	7, 9	" -A ₁ -7
RT 8-10	8, 10	Norin 8-1244
RT 8-12b	8, 12	" 8-13
RT 9-10	9, 10	Tosan 19-B-7-1
RT 10-11	10, 11	Okute-asahi-X-141

Table 2. Linkage testers crossed with the NISHIMURA's R. T. lines

Code of linkage tester	Genotype concerned
A-5	<i>C^{Br} A Pr Rc Rd I-Bf</i>
A-58	<i>C^B A Pr wx Pn</i>
H-9	<i>C^B d₂ lg A⁺ bc</i>
H-20	<i>I-Bf Rc la</i>
H-69	<i>C^B nl fs</i>
H-79	<i>C^B d₂ lg la bc</i>
H-100	<i>C^{Bp} A Pl d₆ gl</i>
H-103	<i>C^{Bp} A nl gl</i>
H-120	<i>C^B A Plw</i>
H-126	<i>C^{Bp} A Pl d₆ Hg</i>
H-135	<i>d₁ g gh</i>

H-137	<i>Dn fs nl</i>
H-138	<i>C^B A^a wx g d₆</i>
H-140	<i>d₁ fs ri bl₁</i>
H-143	<i>Rc gw gh</i>

Table 3. Relation among linkage group, marker gene and character expression

Linkage group	Marker gene	Character expression
I	<i>C</i>	Chromogen for anthocyanin color
	<i>wx</i>	waxy (glutinous) endosperm
II	<i>d₂</i>	"ebisu" dwarf
	<i>lg</i>	liguleless
III	<i>Pl</i>	Purple leaf
	<i>A</i>	Anthocyanin activator
IV	<i>Rd</i>	Red pericarp
	<i>d₆</i>	"lop-leaved" dwarf
V	<i>g</i>	long empty glume
	<i>Rc</i>	Brown pericarp
VI	<i>I-Bf</i>	Inhibitor for brown forrows in glume
	<i>gw</i>	green-and-white stripes
VII	<i>d₁</i>	"daikoku" dwarf
	<i>gh</i>	gold hull and internode
VIII	<i>fs</i>	fine stripes in leaf margin
	<i>Dn</i>	Dense panicle
IX	<i>la</i>	"lazy" growth habit
	<i>ri</i>	verticillate rachis
X	<i>nl</i>	neck leaf
	<i>bl₁</i>	brown discoloration of leaves
XI	<i>bc</i>	brittle culm
	<i>gl</i>	glabrous
XII	<i>Hg</i>	Hairy glume

細胞学的研究に供試された穎花は、少量の塩化第2鉄 (FeCl₃) を加えたカルノア液 (酢酸:エチルアルコール=1:3) で固定され、それを酢酸カーミンで染色した後、押しつぶし法により一時プレパラートとし、検鏡した。

Table 4. Results of linkage relationships by the use of the reciprocal translocation method

Linkage group	I		II			III		IV			V	VI			VII		VIII	IX			X	XI	XII	
	<i>C</i>	<i>wx</i>	<i>d₂</i>	<i>Pl</i>	<i>lg</i>	<i>A</i>	<i>Rd</i>	<i>d₆</i>	<i>g</i>	<i>Rc</i>	<i>I-Bf</i>	<i>gw</i>	<i>d₁</i>	<i>gh</i>	<i>fs</i>	<i>Dn</i>	<i>la</i>	<i>nl</i>	<i>ri</i>	<i>bl₁</i>	<i>bc</i>	<i>Hg</i>	<i>gl</i>	
RT 1-2	-		-		-	-						+		-	-	+	-	-			-			
RT 1-3a	-					+					-		-		-			-	-	-			-	
RT 1-3b											-		-		-				-	-			-	
RT 1-8																+				+				
RT 1-10							-		+	+	-		-	-	-									
RT 3-4a	-						+				-				-					-				
RT 3-4b	-	-				+					-				-					-				
RT 3-6	-	-				+				(+)					-				-	(+)				
RT 3-8b											-				-					+				
RT 3-11a	-		-		-												-							
RT 3-11b	-	-	+		-	-											-				-			
RT 3-11c	-			+		+																		
RT 3-12	-					+	+				-				-									
RT 5-6																-								
RT 5-9	-		-		-												+							
RT 6-10	-	-				-		+	+							-								
RT 6-11	+	+	-	-	+												-							
RT 7-8a	-		-	-	-	-		-																
RT 7-8b							-				-						+							
RT 7-9	-		-	-	-	-		-									-							
RT 8-10										+														
RT 8-12b							-			+							+							
RT 9-10	-		-		-			+		+														
RT 10-11	-					-	-			-														

Note. + significant at 1% level. (+) significant at 5% level. - non significant at 5% level.

実験結果

前述の転座分析に基づき F_2 において転座点と標識遺伝子との連鎖関係の有無を調べた結果が Table 4 にまとめてある。表中の + 及び (+) の記号は連鎖の χ^2 値が夫々 1% 及び 5% 水準で有意性が認められた物であり、5% 水準でも連鎖関係の認められなかった場合は - で示してある。以下連鎖群別にその対応する染色体について検討を加える。

1. 第 I 連鎖群

この群の標識遺伝子として用いられたのは *C* (花青素色素原素) 及び *wx* (糯稈性) である。

両遺伝子を含む交雑組合せのうちで、転座分析にて連鎖関係が示唆された F_2 分離は Table 5 の如くである。

即ち *C* 及び *wx* と RT 6-11 との間には夫々組換え価 3% 及び 7% という強度の連鎖関係が認められた。これは *C* 及び *wx* が第 6 或いは第 11 染色体に座乗することを意味するが、後記の如く *C* 及び *wx* とは独立の *lg* (無葉舌) と同転座点との間が 4% の組換え価で連鎖していることと、*lg* の属する第 II 連鎖群が第 11 染色体に対応するという事実からすれば、第 I 連鎖群は第 6 染色体に対応するものとみなしてよいことになる。*wx* と RT 6-11 の間の組換え価については既に岩田及び大村 (1971b) が報告し、そこで得た値も 6.3% という近似したものである。

RT 6-10 と *wx* 及び *C* との間の組換え価は夫々 33% 及び 27% である。RT 3-6 と *wx* 及び *C* との間の組換え価は夫々 50% 及び 40% であったことから、遺伝子及び転座点の位置関係は $wx-RT\ 6-11-C-RT\ 6-10-RT$

Table 5. Linkage relations between the marker genes chosen from the respective linkage group and the interchanged points (1)

Linkage group	Marker gene	RT line	Segregation mode					R. C. V.	χ^2	P
			AF	AS	aF	aS	Total			
I	<i>wx</i>	RT 3-6	207 (211.5)	213 (211.5)	71 (70.5)	73 (70.5)	564	49.3 ± 45.58%	0.20	.95 ~ .98
	"	RT 6-10	84 (89.9)	95 (96.8)	38 (34.6)	32 (27.7)	249	33.4 ± 8.02%	1.44	.7 ~ .5
	"	RT 6-11	205 (221.1)	375 (368.4)	178 (171.9)	28 (24.6)	786	6.7 ± 1.30%	1.98	.7 ~ .5
	<i>C</i>	RT 3-6	211 (208.4)	223 (214.6)	67 (73.6)	63 (67.4)	564	39.5 ± 9.11%	1.24	.8 ~ .7
	"	RT 6-10	89 (86.8)	105 (100.0)	33 (37.7)	22 (24.5)	249	27.0 ± 5.86%	1.16	.8 ~ .7
	"	RT 6-11	379 (375.9)	697 (682.3)	313 (329.6)	22 (23.2)	1411	3.4 ± 0.64%	1.23	.8 ~ .7
II	<i>d₂</i>	RT 3-11a	189 (173.4)	170 (176.9)	59 (60.1)	49 (56.6)	467	41.4 ± 11.13%	2.72	.5 ~ .3
	"	RT 3-11b	150 (165.8)	220 (195.7)	64 (75.2)	48 (45.3)	482	25.1 ± 3.85%	6.35	.1 ~ .05
	"	RT 6-11	135 (144.0)	150 (147.8)	52 (50.5)	52 (46.7)	389	40.1 ± 10.97%	1.23	.8 ~ .7
	<i>Pl</i>	RT 3-11c	168 (163.2)	195 (214.8)	103 (88.8)	38 (37.2)	504	18.0 ± 2.80%	4.25	.3 ~ .2
	"	RT 6-11	81 (88.4)	76 (88.6)	41 (29.6)	38 (29.4)	236	46.6 ± 46.97%	9.32	.05 ~ .02
	<i>lg</i>	RT 3-11a	182 (170.7)	169 (179.6)	66 (62.8)	50 (53.9)	467	36.2 ± 7.14%	1.82	.7 ~ .5
	"	RT 3-11b	152 (178.4)	196 (183.1)	62 (62.6)	72 (57.9)	482	40.1 ± 9.86%	8.26	.05 ~ .02
	"	RT 6-11	111 (104.5)	196 (187.2)	76 (90.0)	6 (7.3)	389	3.9 ± 1.40%	3.21	.5 ~ .3

Note. A: Dominant. a: Recessive. F: Fertile. S: Semifertile.
(): Calculated number from the respective recombination value.

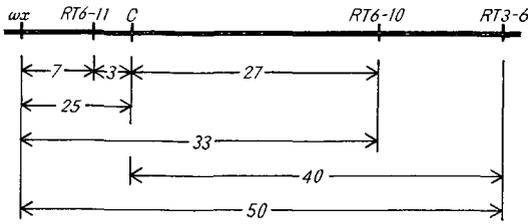


Fig. 1. Linkage map of the 1st group.

3-6 であると思われる。以上の成績に基づいて第 I 連鎖群の地図を試作すれば Fig. 1 の如くなる。

因に正常な染色体構成の系統間での交雑による C-wx の組換え価と、転座点が両遺伝子間に在る場合の同遺伝子間の組換え価とを比較したのが Table 6 である。転座点を介した場合には正常な染色体構成の場合より 15% も減少していることが注目される。転座点の存在により交叉が制限されるのではなからうか。

2. 第 II 連鎖群

標識遺伝子として d_2 (夷型矮性), Pl (葉身紫) 及び lg を選び転座分析に供した。Table 5 に示す如く、 d_2 と RT 3-11 b 及び Pl と RT 3-11 c との間には夫々 25% 及び 18% の組換え価で明らかな連鎖関係が認められ、更に RT 6-11 と lg との間にも組換え価が 4% という強度の連鎖関係がみい出された。従って第 II 連鎖群は第 11 染色体に対応するという岩田・大村の報告 (1971 b) はここでも支持される。

RT 3-11 b- lg の組換え価が独立の場合に近いことからここでは RT 3-11 b- d_2 - lg なる順位関係が一応推定される。しかし岩田・大村 (1971 b) は同転座点と Pl との間に強度の連鎖関係をみい出し、 d_2 -RT 3-11 b- lg なる関係を報告している。

これらのくい違いを d_2 - lg が離れている結果として起きたものとするならば、ここでは d_2 -RT 3-11 b- lg の位置関係の方を選ぶのが妥当のようである。因に RT 6-11 と Pl の組換え価を求めると 47% であった。 Pl - lg の組換え価は 31% (長尾・高橋 1963) であることから、

ここに Pl - lg -RT 6-11 なる位置関係が推定される。

以上の結果をまとめた第 II 連鎖群の連鎖地図は Fig 2 の如くである。

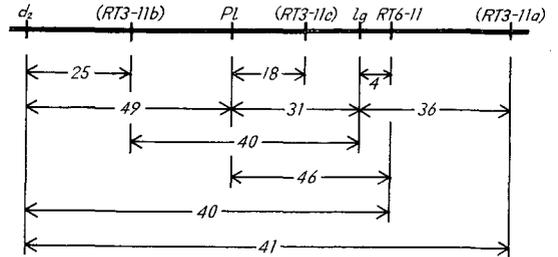


Fig. 2. Linkage map of the 2nd group.

3. 第 III 連鎖群

A (花青素アクチベーター) 及び Rd (果皮赤色) を用いて実験を行なった結果を Table 7 に示す。

A と RT 1-3a, RT 3-4b, RT 3-6, RT 3-11c 及び RT 3-12 との間には夫々 15%, 20%, 25%, 24% 及び 17% の組換え価を以て連鎖関係が認められた。これらの組換え価に基づく期待値は観察値によく適合し、A は第 3 染色体に座乗していると結論される。更に Rd と RT 3-4a 及び RT 3-12 との間にも連鎖関係がみい出され、夫々 22% 及び 20% の組換え価が算出された。

岩田・大村 (1971 a) は第 III 連鎖群に属する eg (過剰穎), lax (粗粒性) 及び d_{10} (多けつ型矮性) を用いて、同連鎖群が第 4 染色体に対応すると報告した。これは著者等の結論と異なっている。岩田等の用いた転座系統は RT 3-4a, RT 3-4b 及び RT 4-5 の 3 系統であるが、前記の如く著者等の結果でも RT 3-4a は Rd と、また RT 3-4b は A と夫々連鎖関係が明らかとなっているうえに、他の転座系統を用いた場合、例えば RT 1-3a, RT 3-6, RT 3-11 c 及び RT 3-12 においても連鎖関係は明らかである。従って著者等は第 III 連鎖群は第 3 染色体に対応するという結論を下さざるを得ない。なお岩田・大村 (1971 a) が分析に用いた eg , lax 及び d_{10} について

Table 6. Combined segregations of C and wx in F₂ from two types of crosses; "between normal lines" and "between normal and translocated lines"

Type of cross	Phase	F ₂ segregation				Total	R. C. V.	χ^2	d. f.	P
		C-, wx+	C-, wxwx	cc, wx+	cc, wxwx					
Normal	Rep.	704 (171.8)	278 (304.7)	302 (304.7)	18 (20.8)	1302	25.3 ± 1.73%	4.28	3	.3 ~ .2
Interchanged*	Rep.	404 (395.2)	204 (194.3)	176 (196.5)	2	786	10.5 ± 2.37%	2.42	2	.3 ~ .2

*: Interchanged point (RT 6-11) is existent between C and wx.

は、それが第 III 連鎖群の他の標識遺伝子と如何なる連鎖関係にあるかは別に検討中であるが、*lax*-*A* 間には約 34%、*d*₁₀-*A* 間には約 27% の組換え価が得られている。従って *lax* 及び *d*₁₀ が第 III 連鎖群に属すること自体には問題はなさそうである。

4. 第 IV 連鎖群

標識遺伝子として果皮着色遺伝子 *Rc*、長護穎遺伝子 *g* 及び夷糯型矮性遺伝子 *d*₆ を用いて実験を行なった。

Table 7 に示す如く、RT 6-10 と *d*₆ 及び *g* との間には共に 22% の組換え価を以て連鎖関係がみ出された。*d*₆-*g* の組換え価は約 3% と算出されたことから一応 RT 6-10-*d*₆-*g* なる座位関係が推定される。また *d*₆-RT 9-10-*Rc* 及び *g*-*Rc*-RT 1-10 なる位置関係も得られ、

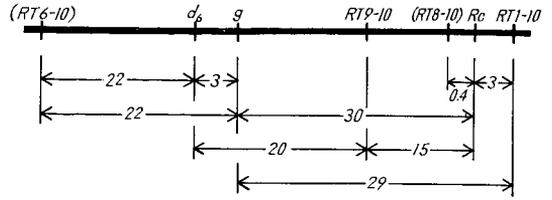


Fig. 3. Linkage map of the 4th group.

第 IV 連鎖群は第 10 染色体に対応するといつてよい。

以上の結果をまとめ同連鎖群に属する標識遺伝子と転座点の位置関係を示したのが Fig. 3 である。

5. 第 V 連鎖群

本連鎖群に所属する遺伝子は、*I-Bf* (穎縦筋暗色抑制) ならびに *Ps* (柱頭分布) の 2 つのみである。その内の *I-*

Table 7. Linkage relations between the marker genes chosen from the respective linkage group and the interchanged points (2)

Linkage group	Marker gene	RT line	Segregation mode					R. C. V.	χ^2	P
			AF	AS	aF	aS	Total			
III	<i>A</i>	RT 1-3a	227 (256.3)	365 (355.7)	160 (151.7)	64 (52.3)	816	15.1 ± 1.94%	6.66	.1 ~ .05
	"	RT 3-4b	202 (186.8)	215 (238.5)	108 (96.7)	42 (45.0)	567	19.8 ± 2.87%	5.07	.2 ~ .1
	"	RT 3-6	142 (149.6)	178 (175.9)	69 (67.4)	45 (41.1)	434	25.4 ± 4.05%	0.82	.9 ~ .8
	"	RT 3-11b	152 (172.5)	180 (186.8)	79 (67.0)	68 (52.7)	479	32.7 ± 5.78%	9.24	.05 ~ .02
	"	RT 3-11c	148 (134.0)	144 (160.8)	69 (62.5)	32 (35.7)	393	23.9 ± 4.08%	4.28	.3 ~ .2
	"	RT 3-12	130 (142.6)	209 (191.1)	72 (79.9)	34 (31.4)	445	17.0 ± 2.86%	3.79	.3 ~ .2
	<i>Rd</i>	RT 3-4a	214 (236.3)	312 (290.2)	108 (114.7)	68 (60.8)	702	22.3 ± 2.80%	4.99	.2 ~ .1
"	RT 3-12	81 (102.3)	142 (131.0)	54 (53.2)	34 (24.5)	311	19.6 ± 3.88%	9.03	.05 ~ .02	
IV	<i>d</i> ₆	RT 6-10	252 (227.1)	290 (280.6)	91 (111.4)	44 (57.9)	677	21.9 ± 2.85%	10.09	.02 ~ .01
	"	RT 9-10	101 (101.5)	135 (125.0)	42 (49.5)	24 (26.0)	302	22.1 ± 4.27%	2.09	.7 ~ .5
	<i>g</i>	RT 1-10	158 (161.4)	222 (187.3)	48 (71.1)	37 (45.2)	465	26.4 ± 4.10%	15.46	.01 ~ .001
	"	RT 6-10	250 (227.0)	289 (280.8)	93 (111.5)	45 (57.7)	677	21.8 ± 2.85%	8.46	.05 ~ .02
	<i>Rc</i>	RT 1-10	124 (150.0)	293 (278.3)	144 (135.5)	10 (7.2)	571	2.6 ± 1.00%	6.87	.1 ~ .05
	"	RT 8-10	143 (153.2)	301 (303.6)	164 (152.3)	1	609	0.3 ± 0.57%	1.76*	.5 ~ .3
	"	RT 9-10	106 (121.4)	179 (168.1)	71 (71.6)	30 (24.9)	386	15.2 ± 2.82%	3.71	.3 ~ .2

Note. *: Degree of freedom was 2.

Bf に関しては RT 3-6 と連鎖する場合と、別に RT 8-12b と連鎖する場合の 2 例が得られた (Table 8)。これらは互に相反する結果であり、両者のいずれかは少なくとも何らかの原因でみかけ上の連鎖関係を生じたと考えねばならないが、一応 *I-Bf* は染色体 3, 6, 8, 12 の 4 本の内いずれか 1 本に座乗するのであろう。

岩田・大村 (1972) が三染色体法に依り、同遺伝子は第 3 染色体に座乗するとの結果を報告している。もし第 3 染色体に属するならば、著者等の結果では *A* 及び *Rd* など第 III 連鎖群の遺伝子と *I-Bf* が連鎖関係をもつ可能性を考えねばならなくなる。いづれにしても今後の検討が必要である。

6. 第 VI 連鎖群

gw (北光縞) による縞形質はアルビノに近く、生育に悪影響を及ぼして、縞個体が死滅する場合が多い。F₂ 分離では縞個体の著しい過少を示したので WINGE の方法で補正したのち組換え価を算出した。*gh* (穎黄金色)

と転座点との組換え価の算出にもまた同様な処理が施された。

Table 8 の如く、*gw* は RT 1-2 との間に連鎖関係をもつ。後述の如く、*gw*, *d₁* (大黒型矮性) 及び *gh* の 3 遺伝子と独立の関係にある *Dn* (密穂性) が再び RT 1-2 と連鎖し、*Dn* は第 1 染色体に座乗することから、第 VI 連鎖群と第 2 染色体との対応関係が可能となり、ここに *gh*-RT 1-2-*gw* なる位置関係が推定される (Fig. 4)。

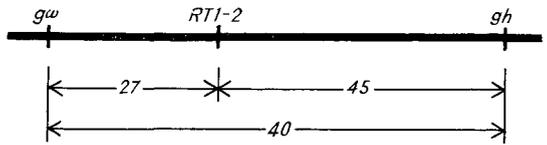


Fig. 4. Linkage map of the 6th group.

なお *d₁* と 4 転座系統, RT 1-3a, RT 1-3b, RT 1-8 及び RT 1-10 との間が独立の関係であることは上記の対応関係の可能性をより高めるものである (Table 4)。

Table 8. Linkage relations between the marker genes chosen from the respective linkage group and the interchanged points (3)

Linkage group	Marker gene	RT line	Segregation mode					R. C. V.	χ^2	P
			AF	AS	aF	aS	Total			
V	<i>I-Bf</i>	RT 3-6	128 (119.7)	147 (141.3)	46 (54.3)	27 (32.7)	348	25.1 ± 4.53%	3.07	.5~.3
	"	RT 8-12b	127 (126.3)	161 (161.7)	66 (65.7)	30 (30.3)	384	19.6 ± 3.49%	0.01	>.99
VI	<i>gw</i>	RT 1-2	243.0 (231.9)	256.0 (267.1)	104.4 (100.8)	62.0 (65.6)	665.4	27.0 ± 3.58%	1.32	.8~.7
	<i>gh</i>	RT 1-2	222.0 (221.9)	223.0 (223.2)	74.9 (74.8)	73.5 (73.5)	593.4	45.3 ± 17.77%	0.00	>.99
VII	<i>Dn</i>	RT 1-2	153 (151.9)	181 (184.1)	74 (72.1)	40 (39.9)	448	23.2 ± 3.66%	0.11	>.99
	"	RT 1-8	163 (174.7)	197 (196.5)	77 (72.8)	58 (51.0)	495	29.0 ± 4.58%	2.00	.7~.5
VIII	<i>la</i>	RT 5-9	103 (94.7)	117 (119.0)	45 (47.8)	20 (23.5)	285	20.8 ± 4.22%	1.43	.7~.5
	"	RT 7-9	146 (137.4)	181 (190.3)	84 (81.1)	26 (28.2)	437	15.2 ± 2.65%	1.27	.8~.7
	"	RT 9-10	151 (169.2)	241 (238.0)	110 (102.3)	41 (33.5)	543	14.4 ± 2.28	4.28	.3~.2
IX	<i>ri</i>	RT 3-6	147 (152.9)	164 (172.6)	73 (64.1)	50 (44.4)	434	28.7 ± 4.89	2.60	.5~.3
X	<i>bl₁</i>	RT 1-8	186 (182.7)	288 (283.1)	121 (127.8)	26 (27.4)	621	9.8 ± 1.75	0.58	.9~.8
	"	RT 3-8b	115 (136.9)	247 (232.8)	113 (109.6)	18 (13.7)	493	5.9 ± 1.51	5.85	.2~.1

7. 第VII連鎖群

標識遺伝子 Dn は RT 1-2 及び RT 1-8 との間に夫々 23% 及び 29% の組換え価を以て連鎖することが認められた (Table 8)。従って Dn は、第1染色体に座乗している。

なお同連鎖群に属する赤毛綿遺伝子 fs は RT 1-2, RT 1-3a, RT 1-3b 及び RT 1-10 との間で必ずしも明らかな連鎖関係は得られなかった。

8. 第VIII連鎖群

もつれ性遺伝子 la と RT 5-9, RT 7-9 及び RT 9-10 との間には夫々 21%, 15% 及び 14% の組換え価を以て連鎖が存在するとの結果を得た (Table 8)。従って、第VIII連鎖群は第9染色体に対応するとみなしてよい。これを裏付ける成績は既に岩田・大村 (1971b) によって得られているが、そこでの la と RT 9-10 の間の組換え価はやや小さかった。

RT 9-10 のヘテロ個体及び転座ホモ系統 RT 7-9 と RT 9-10 との交雑 F_1 個体について、PMC の Pachytene stage に於ける染色体対合を観察した結果の一、二の例が Fig. 5 である。RT 9-10 ヘテロ個体の染色体像 (Fig. 5a) に於ける染色体部分の比が 1:1.9:2.7:2.7 であったことから、Fig. 5b 及び b' に示される2つの転座点のう

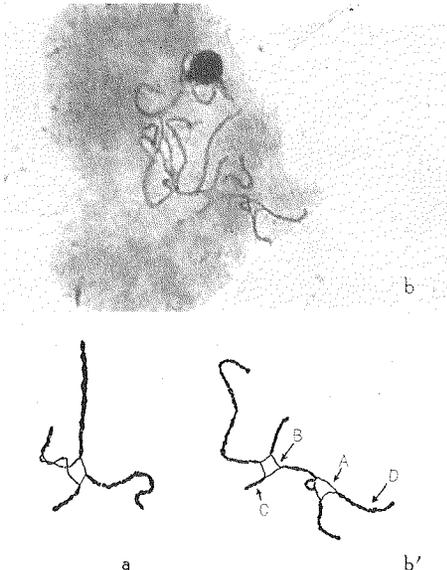


Fig. 5. Crossed shape figures of interchanged chromosomes at pachytene stage; (a) the drawing of RT 9-10 heterozygote by camera lucida ($\times 1000$) (b) F_1 hybrid between RT 7-9 and RT 9-10 ($\times 678$) and (b') the drawing of the figure (b) by camera lucida ($\times 750$).

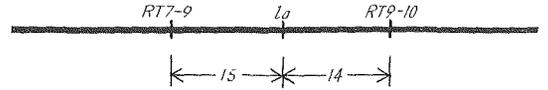


Fig. 6. Linkage map of the 8th group.

ち A が RT 9-10 であると共に C-染色体部が第9染色体に属することが推定される。AB間の染色体部分は最長腕 D を第9染色体に属するとしても全長の 30% に相当する染色体部分が組換え価 1% に当たることは不合理である。従って RT 7-9- la -RT 9-10 なる位置関係の妥当なることが結論される (Fig. 6)。

9. 第IX連鎖群

標識遺伝子として nl (苞被) 及び ri (輪枝) を用い、 nl については、明らかな連鎖関係はみい出されなかった (Table 4) が、 ri と RT 3-6 との間には約 29% の組換え価で連鎖関係がみい出された (Table 8)。従って、少なくとも ri は第3或いは第6染色体に座乗することが推定される。

岩田・大村 (1971a) は ri が第3染色体に座乗していると報告しているが、前記の如く第3染色体は第III連鎖群に対応することが明らかとなっているので、もし ri が第3染色体に属するならば、 ri は第III連鎖群に属さねばならない。第3或いは第6染色体のいづれに対応するとしても、今後の検討が必要である。

10. 第X連鎖群

初枯性遺伝子 bl_1 は転座点 RT 1-8 及び RT 3-8b と連鎖している結果が得られた (Table 8)。従って第X連鎖群は第8染色体に相当する。 bl_1 と RT 3-8b との間に得られた組換え価は約 6% で岩田・大村 (1971b) による値 0.9% よりはかなり大きかった。

11. 第XI及び第XII連鎖群

第XI連鎖群の標識遺伝子である bc (鎌いらす), 第XII連鎖群の標識遺伝子 gl (無毛性) 及び Hg (長稈毛) についていくつかの転座点との間で得られた結果は Table 4 に示される如く、明らかな連鎖関係はみい出されていない。

従って両連鎖群に対応する染色体を明らかにすることは出来なかった。

論 考

稲の12連鎖群に対応する染色体の種類を明らかにすることを第1の目的とし、転座分析を行なったが、12のうち少なくとも8群に対しては対応する染色体が明らかとなった (Table 9)。これを著者等と同じ転座ホモ系統を主に用いて、転座分析を行なった岩田・大村の結果と

Table 9. Relation between the linkage groups and the kinds of the chromosomes

Linkage group	Kinds of chromosomes assigned	
	(by authors)	(by IWATA and OMURA)
I	6	6
II	11	11
III	3	4
IV	10	10
V	3, 6, 8 or 12	3
VI	2	2
VII	1	1
VIII	9	9
IX	3 or 6	3
X	8	8
XI	?	5
XII	?	?

対応せしめると、Table 9 にみられる如く第 I, II, IV, VI, VII, VIII 及び X 連鎖群についてはよく一致する結果となった。然し第 III 連鎖群に関しては転座分析法に供試された標識遺伝子が異なるとしても著者等が転座系統の種類を増し検討を重ねた結果からは第 3 染色体に対応するとしなければならないようである。

第 V 及び第 IX 連鎖群に対応する染色体として 2 乃至複数個の中の 1 つという結果が得られたが、この中にはいずれも第 3 及び第 6 染色体が含まれている。第 6 染色体はすでに第 I 連鎖群に対応することが明らかになっている故、今後は第 V 及び第 IX 両連鎖群の所属遺伝子の個々について対応する染色体を分析し、第 I ならびに第 III 連鎖群との連鎖独立関係を明らかにしなければならない。

なお第 XI 及び第 XII 連鎖群については現在のところ対応する染色体は明らかでない。すでに大麦やトウモロコシでは転座分析の応用により詳細な染色体地図が得られているので、稲においても細胞遺伝学的方法を組織的に併用して連鎖分析を強化することが必要である。

摘 要

1. 既知の 12 連鎖群に染色体的基礎を与えるため、転座分析法により連鎖分析を行なっている。転座ホモ系統として今回は西村の作出した系統を用い、これと長尾・高橋・木下の標識遺伝子を有する Linkage tester との間で交雑を行ないその F₂ を対象に標識遺伝子と転座点の連鎖関係を調査した。

2. C 及び wx 遺伝子の属する第 I 連鎖群は第 6 染色体に対応し、転座点及び遺伝子の染色体上に於ける位置関係は wx-RT 6-11-C-RT 6-10-RT 3-6 であった。

3. 第 II 連鎖群の標識遺伝子 d_2 , Pl 及び lg は第 11 染色体に座乗し、 d_2 -RT 3-11b-Pl-RT 3-11c-lg-RT 6-11-RT 3-11a の座位関係であった。

4. 第 III 連鎖群は第 3 染色体に対応した。

5. 第 VI 連鎖群は第 10 染色体に対応し、同連鎖群に属する d_6 , g 及び Rc 遺伝子と転座点との位置関係は RT 6-10- d_6 -g-RT 9-10-RT 8-10-Rc-RT 1-10 となった。

6. 第 V 連鎖群の標識遺伝子である I-Bf は第 3, 第 6, 第 8 或いは第 12 染色体のいずれかに座乗する可能性が推定された。

7. 第 VI 連鎖群は第 2 染色体に対応し、gw 及び gh と転座点との位置関係は gw-RT 1-2-gh であった。

8. 第 VII 連鎖群に属する標識遺伝子の 1 つ Dn は第 1 染色体 (仁染色体) 上にあるとみられた。

9. 第 VIII 連鎖群は第 9 染色体に対応し、RT 7-9-la-RT 9-10 なる位置関係が得られた。

10. 第 IX 連鎖群に所属している ri 遺伝子は第 3 或いは第 6 染色体のいずれかに座乗している可能性がある。

11. 第 X 連鎖群は第 8 染色体に対応した。

12. 第 XI 及び第 XII 連鎖群に対応する染色体は今後の分析に待たねばならない。著者等と岩田・大村 (1971a, b, 1972) の結果との対応から今後第 III 連鎖群の所属する染色体の異同を検討する必要があると共に、第 V 及び第 IX 連鎖群に所属する遺伝子の座乗する染色体についてはなお検討を重ねなければならない。

引用文献

- 張文財 (1955): X 線処理による稲の相互転座. 育種, 5: 27-31.
- (1960): 相互転座法による稲遺伝子の分析 (予報). 育種, 10: 49-51.
- HU, C. H. (1968): Studies on the development of twelve types of trisomics in rice with reference to genetic study and breeding programme. J. Agr. Ass. China, New Ser. No. 63: 53-71.
- IMMER, F. R. (1930): Formulae and table for calculating linkage intensities. Genetics 15: 81-98.
- 岩田伸夫・大村 武 (1971a): 相互転座法によるイネの連鎖分析. I. 染色体 1, 2, 3, 4 に対応する連鎖群, 育種, 21: 19-28.
- (1971b): 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.
- (1972): 三染色体植物利用によるイネの連鎖分析. 育種, 22 別冊 1.
- IWATA, N., T. OMURA and T. NAGAMATSU (1970): Studies on the trisomics in rice plants (*Oryza sativa* L.). I. Morphological classification of trisomics. *Jap. J. Breed.* 20: 230-236.
- JOACHIN, G. S. (1947): The product method calculating linkage from F_2 data involving semisterility, and its application to barley translocation. *Genetics* 32: 580-591.
- NAGAO, S. and M. TAKAHASHI (1960): Preliminary report of twelve linkage groups in Japanese rice. *J. Fac. Agr. Hokkaido, Univ.* 51: 289-298.
- and ————— (1963): Trial construction of twelve linkage groups in Japanese rice. *J. Fac. Agr. Hokkaido, Univ.* 52: 72-132.
- 西村米八 (1950): 原爆によって現れた不稔稲の細胞学的観察. 遺種, 25: 257.
- (1961): 水稲及び大麦における相互転座の研究. 農技報, D-9: 171-235.
- TAKAHASHI, M. (1964): Linkage groups and gene scheme of some striking morphological characters in Japanese rice. *Rice Genet. Cytogenet.* Elsevier Amsterdam: 215-236.
- 高橋萬右衛門・木下俊郎 (1968): 稲連鎖地図の現況. 北大農学部農場報告, 16: 33-41.
- WASHIO, O. (1971): Genetics and breeding of resistants to rice stripe disease. Ph. D. thesis, Hokkaido, Univ. pp. 237.

Summary

The present authors have studied the relationships between linkage groups and the corresponded chromosomes by the reciprocal translocation method.

Twenty four kinds of reciprocal translocation homozygotes (Table 1.) and fifteen linkage testers (Table 2.) were used in the experiment. The reciprocal translocation homozygotes were crossed with the linkage testers, then the segregations for the marker and the seed-fertility in the F_2 populations were examined for linkage relation (Table 4.). The recombination values between marker genes and interchanged points were estimated by the

JOACHIN's method.

The results obtained are summarized as follows;

1. The 1st linkage group was estimated to correspond to the 6th chromosome, and the order of the marker genes and the interchanged points was $wx-RT\ 6-11-C-RT\ 6-10-RT\ 3-6$ (Fig. 1.).
2. The 2nd linkage group, to which d_2 , Pl and lg belong, was corresponded to the 11th chromosome. The arrangement of $d_2-RT\ 3-11\ b-Pl-RT\ 3-11\ c-lg-RT\ 6-11-RT\ 3-11\ a$ was considered to be most probable (Fig. 2.).
3. A and Rd , which were chosen from the marker genes of the 3rd linkage group, were located on the 3rd chromosome.
4. The 4th linkage group corresponded to the 10th chromosome and the order of $RT\ 6-10-d_6-g-RT\ 9-10-RT\ 8-10-Rc-RT\ 1-10$ were estimated (Fig. 3.).
5. $I-Bf$, the marker gene of the 5th linkage group, probably has a location on one of the four chromosomes; the 3rd, the 4th, the 8th and the 12th.
6. The 6th linkage group was corresponded to the 2nd chromosome, and the order of the arrangement was $gw-RT\ 1-2-gh$ (Fig. 4.).
7. The gene Dn which belong to the 7th linkage group has a relation with the 1st chromosome.
8. The 8th linkage group was corresponded with the 9th chromosome. The arrangement was estimated to be $RT\ 7-9-la-RT\ 9-10$ (Fig. 6.).
9. The gene of ri which belongs to the 9th linkage group was corresponded to either the 3rd or the 6th chromosome.
10. The 10th linkage group was corresponded to the 8th chromosome.
11. Linkage relation was not found between the genes from the 11th and the 12th linkage groups and the interchanged points.
12. The discrepancy between the author's results and those of IWATA and OMURA on the 3rd linkage group must be solved in near future. In addition, the genes which belong to the 5th and the 9th linkage groups must be clarify from the corresponded chromosome, individually, because of the possibility of inclusion in other linkage groups.