



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	九州大学が保有せる形態的突然変異形質の関与遺伝子の示す連鎖関係 : 稲の交雑に関する研究、第L V報
Author(s)	森, 宏一; MORI, Koh-ichi; 木下, 俊郎 他
Citation	北海道大学農学部邦文紀要, 8(4), 377-385
Issue Date	1973-03-30
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/11843
Type	departmental bulletin paper
File Information	8(4)_p377-385.pdf



九州大学が保有せる形態的突然変異形質の 関与遺伝子の示す連鎖関係

— 稲の交雑に関する研究, 第 LV 報¹⁾ —

森 宏一・木下俊郎・高橋萬右衛門

(北海道大学農学部育種学教室)

Linkage relationships of genes for some mutant characters of rice kept in Kyushu University

— Genetical studies on rice plant, LV —

Koh-Ichi MORI, Toshiro KINOSHITA
and Man-Emon TAKAHASHI

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

Received, August 31, 1972

緒 言

稲ではその半数体染色体数 ($n=12$) に相当する連鎖群が作成され、各連鎖群に対応する染色体についても、一二の連鎖群を除いては、ほぼ明らかとなった(岩田・大村, 1971, 佐藤・木下・高橋, 1972)。しかしその内容はトウモロコシや大麦などに比し不充分である。著者らは突然変異の関与遺伝子を用いて、より充実した連鎖地図の作成をすすめているが、本報もその一環を成すものである。ここでは主として九州大学農学部育種学教室が保存する突然変異形質の関与遺伝子につき、その座位関係を追跡ないしは新たに調べた結果の概要である。

本実験の遂行にあたり、材料をお譲り下さった永松士巳博士、鳥山国土博士ならびに九州大学農学部育種学教室に対し、また材料の栽培・管理・調査に御援助をいただいた弘前大学農学部森敏夫教授と同大学附属農場及び手塚光明、加藤俊介両氏に対し、ここに謹んで感謝の意を表する。

材料及び方法

今回の供試材料の主体をなすものは九州大学農学部育種学教室保存の系統 (F1, HO の符号を付す) と北海道大学農学部作物育種学教室保存の検定系統 (A, N 及び

H の符号を付す) であるが、これらを一括して表示すれば Table 1 a, b のごとくである。すなわち研究対象形質は、内穎発育不全型 2 種、粗粒型、細葉型、ぬれ葉型、捲葉型、生理的病斑型 2 種、たれ葉型及び矮性型各 1 種である。交雑は主として F1-系統と他の検定用系統との間で行なわれ、F₂ 集団は北海道大学附属農場(札幌市)及び弘前大学農学部附属金木農場(青森県金木町)内の実

Table 1. List of strains used in the experiment

a) Strains introduced from Kyushu Univ.

Strain	Character
F1- 58	brown leaf spot
- 63	narrow leaf
- 83	brown discoloration of leaves and glumes
- 90	narrow leaf
-106	lopped leaf and depressed palea
-129	lopped leaf
-152	lopped leaf and depressed palea
-159	brown leaf spot
-160	rolled leaf
-163	lax panicle
HO-700	dripping-wet leaves

1) 北海道大学農学部育種学教室業績

b) Linkage testers

Strain	Marker genes ¹⁾
A- 5	<i>Rc Rd Pr I-Bf</i>
- 58	<i>Pn Pr wx</i>
N- 4	<i>Pl g</i>
- 57	<i>d₁₀</i>
H- 9	<i>d₂ bc</i>
- 25	<i>g la</i>
- 59	<i>lg wx</i>
- 61	<i>d₂ C^{Bp} A P+ Pn</i>
- 68	<i>ri bl₁</i>
- 69	<i>nl fs</i>
- 79	<i>d₂ bc lg la</i>
- 80	<i>d₁ bl₁ la</i>
- 82	<i>d₂ g bc</i>
- 84	<i>d₆ bc wx fs</i>
-100	<i>d₆ Pl gl</i>
-103	<i>nl gl</i>
-126	<i>d₆ Pl Hg</i>
-127	<i>d₆ Pl Hg</i>
-143	<i>gw gh Rc rd</i>

1) As to the character expression of these genes, refer to TAKAHASHI and KINOSHITA's paper (1968).

験圃場で栽培された。また形質の表現程度に関し、実験の精度を高めるために同じ材料を同時にビニールハウス内にも栽培し、常に比較検討を心がけた。なお、組換価の算出は Immer 氏の方法によった。

遺伝子記号の命名は FAO の IRC 会議の提案に従った。そのため例えば、*sl* は *nal*, *dl* は *lop*, *lax* は *lx* のごとく、岩田・大村 (1970) による既報の記号とは異なる遺伝子記号を用いざるを得なかった。また矮性遺伝子 *d* や生理的病斑型遺伝子 *bl* に付加すべき番号については既に他の遺伝子に用いている番号をさけてつけた。

実験結果

a) 内穎發育不全型

畸型類の1種である内穎の發育不全型は正常型に対し単遺伝子の劣性として行動するが、関与遺伝子に2種が知られ、その1つは第I連鎖群所属の *dp₁*, 他は第VII連鎖群所属の *dp₂* であると報告されている (岩田・大村, 1970)。これらを含む F1-152 および F1-106 の内穎發育不全型を追跡したことになるが、これらと正常型との交雑の F₁ は正常型, F₂ はいずれの交雑でも正常型と内穎發育不全型の2型を3:1の比に分離し、それぞれ *dp₁*, *dp₂* による遺伝子分離とみなされた (Table 2 a)。*dp₁* あるいは、*dp₂* と標識遺伝子との間の連鎖独立関係を調査した結果によれば、*dp₁* は第I連鎖群所属の糯遺伝子

Table 2. F₂ segregation in the crosses between "depressed palea" and normal types

a) Inheritance mode

Cross combination	Phenotype	Normal	Depressed palea	Total	Goodness of fit		
	Genotype	+	<i>dp₁</i> or <i>dp₂</i>		Ratio	χ^2	P
H-69 × F1-152	obs.	176	66	242	3:1	0.67	.5-3
F1-106 × N-57	obs.	418	126	544	3:1	0.98	.5-3

b) Combined segregations between *dp₁* or *dp₂* and linkage testers

Gene pairs	Phase	F ₂ segregation				Total	goodness of fit.			R. C. V. (%)	goodness of fit*	
		AB	Ab	aB	ab		Ratio	χ^2	P		χ^2	P
<i>dp₁ : wx</i>	Coup.	164	12	7	59	242	9:3:3:1	189.99	<0.01	7.6	2.99	.5-3
<i>dp₁ : nl</i>	Rep.	144	32	45	21	242	9:3:3:1	6.68	.1-.05	>60		
<i>dp₁ : lop₂</i>	Coup.	133	43	44	22	242	9:3:3:1	3.36	.5-.3	43.9		
<i>dp₂ : lg</i>	"	293	125	97	29	544	9:3:3:1	6.72	.1-.05	55.0		
<i>dp₂ : lop₂</i>	"	317	101	91	35	544	9:3:3:1	1.62	.7-.5	47.4		
<i>dp₂ : d₁₀</i>	Rep.	315	103	93	33	544	9:3:3:1	1.10	.8-.7	51.1		

* Fitness for the theoretical number calculated from the R. C. V.

wx と連鎖関係がみられ、また苞被遺伝子 *nl* (第 IX 連鎖群)、たれ葉遺伝子 *lop₂* (第 XI 連鎖群) とは独立の関係にあった。*dp₂* は無葉舌遺伝子 *lg* (第 II 連鎖群) 及び *lop₂* (第 XI 連鎖群) とそれぞれ独立であった (Table 2 b)。

b) 粗粒型

Fl-163 の有する粗粒穂型について遺伝子分析を行なった (Table 3 a, b)。粗粒穂型と正常型との交雑の F₁ は正常型、F₂ では正常型と粗粒型が 3:1 の比に分離した。これは粗粒型に *lx* 遺伝子が関与していることによる。この *lx* は第 III 連鎖群所属の花青素アクチベーター遺伝子 *A* と連鎖関係を示し、莖節着色遺伝子 *Pn* とは独立に近い組換え価であった。3 者の座位関係は *lx-A-Pn* と判断される。夷型矮性 *d₂* および花青素分布遺伝子 *P* (第 II 連鎖群) とは共に独立である。

c) 細葉型

細葉型系統としては Fl-63 及び Fl-90 があり、7 種の連鎖検定系統との交雑における F₁ は全て正常型となった。F₂ では正常型と細葉型の 2 型を分離したが、分離比は交雑組合せにより明らかに異なった (Table 4 a)。細葉型は生活力が弱く、生育初期に枯死する個体もあるので、F₃ 養成による系統比で判定するのが望ましい。しかし、このような生活力の問題を越えて F₂ においてもなお明らかな分離型の違いが存在し、それは 3:1, 15:1 及び 63:1 の 3 種となる。それぞれ交雑組合せによりこの何れかの分離型となるが、ここに注目されたのは Fl-90 を用いた場合に、3:1 と 15:1 の 2 種の分離比が、また Fl-63 では 15:1, 63:1 の 2 種の分離比が得られたことである。この理由は不明であるが、いずれにしても

Table 3. F₂ segregations in the crosses between "lax panicle" and normal types

a) Inheritance mode

Cross combination	Phenotype	Normal	Lax panicle	Total	Goodness of fit		
	Genotype	+	<i>lx</i>		Ratio	χ ²	P
Fl-163×H-61	obs	300	111	411	3:1	0.88	.5-.3

b) Combined segregations between *lx* and linkage testers

Gene pair	Phase	F ₂ segregation				Total	Goodness of fit			R. C. V. (%)	Goodness of fit	
		AB	Ab	aB	ab		Ratio	χ ₂	P		χ ²	P
<i>lx</i> : <i>A</i>	Coup.	151	36	35	29	251	9:3:3:1	17.67	<.001	33.5	0.12	.99-98
" : <i>Pn</i>	"	221	79	83	28	411	9:3:3:1	1.16	.8-.7	50.8		
" : <i>d₂</i>	Rep.	232	68	68	43	411	9:3:3:1	13.80	.01-.001	>60		
" : <i>P</i>	Coup.	187	77	64	32	360	9:3:3:1	6.72	.1-.05	47.3		

Table 4. F₂ segregations in the crosses between "narrow leaf" and normal types

a) Inheritance mode

Cross combination	Phenotype	Normal	Narrow leaf	Total	Goodness of fit		
					Ratio	χ ²	P
Fl-90×H-9	obs.	293	82	375	3:1	1.96	.2-.1
" ×H-59	obs.	351	118	469	3:1	0.01	.95-.9
Fl-90×H-82	obs.	316	12	328	15:1	3.76	.1-.05
Fl-63×H-68	obs.	508	28	536	15:1	0.96	.5-.3
" ×H-79	obs.	488	39	527	15:1	1.19	.3-.2
" ×H-103	obs.	684	30	714	15:1	5.11	.05-.02
Fl-63×H-126	obs.	453	9	462	63:1	0.45	.7-.5

b) Combined segregations between nal_1 or nal_2 and linkage testers

Gene pair	Phase	F ₂ segregation				Total	Goodness of fit			R. C. V. (%)	Goodness of fit	
		AB	Ab	aB	ab		Ratio	χ^2	P		χ^2	P
nal_1 and $nal_2 : d_2$	Rep.	996	312	70	4	1382	45 : 15 : 3 : 1	15.80	.01-.001	24.7	5.89	.2-.1
nal_1 or $nal_2 : d_2$	"	212	73	43	18	346	9 : 3 : 3 : 1	10.55	.02-.01	53.4		
nal_1 and $nal_2 : la$	"	380	108	33	6	527	45 : 15 : 3 : 1	5.58	.2 -.1	42.3	4.22	.3-.2
" : la	"	241	75	11	1	328	"	5.08	.2 -.1	30.5	4.66	.1-.05
" : lg	"	380	108	24	15	527	"	7.77	.1 -.05	>60		
nal_1 or $nal_2 : lg$	"	270	76	81	42	469	9 : 3 : 3 : 1	7.80	.1 -.05	58.4		
nal_1 and $nal_2 : A$	Coup.	319	105	15	8	447	45 : 15 : 3 : 1	1.91	.7 -.5	41.4		
" : bl_1	Rep.	385	123	22	6	536	"	1.29	.8 -.7	46.6		
" : ri	"	352	156	22	6	536	"	10.05	.02-.01	41.7		
" : bc	"	358	130	31	8	527	"	2.38	.5 -.3	44.1		
" : g	Coup.	315	109	17	6	447	"	1.06	.8 -.7	49.6		
" : gl	Rep.	552	132	24	6	714	"	17.50	<.001	50.8		
" : nl	"	517	167	21	9	714	"	5.51	.2 -.1	55.0		
" : wx	"	263	88	77	41	469	9 : 3 : 3 : 1	6.02	.2 -.1	56.4		

Table 5. F₂ segregations in the crosses between "dripping-wet" and normal types

a) Inheritance mode

Cross combination	Phenotype	Normal	Dripping-wet leaf	Total	Goodness of fit		
	Genotype	+	<i>drp</i>		Ratio	χ^2	P
HO-700 × A-58	obs.	422	77	499	3 : 1	24.37	<.001
" × H-84	obs.	299	67	366	3 : 1	8.75	.01-.001
" × H-126	obs.	301	75	376	3 : 1	5.12	.05-.02

b) Combined segregations between *drp* and linkage testers

Gene pair	Phase	F ₂ segregation				Total	Goodness of fit			R. C. V. (%)
		AB	Ab	aB	ab		Ratio	χ^2	P	
<i>drp</i> : <i>Pr</i>	Coup.	304	112	58	19	493	9 : 3 : 3 : 1	24.07	<.001	51.7
" : <i>Pl</i>	"	152	148	49	26	375	27 : 21 : 9 : 7	12.10	.01-.001	>60
" : <i>wx</i>	Rep.	216	83	49	18	366	9 : 3 : 3 : 1	10.16	.02-.01	49.4
" : <i>d₆</i>	"	224	75	37	30	366	9 : 3 : 3 : 1	18.98	<.001	>60
" : <i>Hg</i>	Coup.	238	63	62	13	376	9 : 3 : 3 : 1	9.83	.05-.02	53.3
" : <i>Pn</i>	"	291	110	54	22	477	9 : 3 : 3 : 1	22.73	<.001	48.9

本形質に関してはそれが3重劣性遺伝子によるものと考えてよいようである。従ってここに nal_1 , nal_2 , nal_3 の遺伝子記号が与えられた。Table 4b に示した連鎖分析の結果から、 nal_1 は第 II 連鎖群所属の夷型矮性遺伝子 d_2 との間に連鎖関係が存在し、 nal_2 は第 VIII 連鎖群所属のもつれ遺伝子 la と連鎖した。このことから少なくとも2遺伝子以上がこの形質に関与することは事実で

あろう。第 II 連鎖群内の座位関係は nal_1-d_2-lg となる。なお、1交雑組合せにおいて細葉型と d_2 との間に独立の関係が得られたことについては、ここでは細葉型が3:1の分離比を示していることから、 nal_1 ではなく、 nal_2 あるいは nal_3 による細葉型と思われるが、これについては今後の検討が必要である。

d) めれ葉型

ぬれ葉型については、先に長尾・高橋・森村(1964)により単遺伝子 drp_1 が関与することが報告されているが、一方岩田・大村(1971)は所属連鎖群を異にする他の単遺伝子 drp_2 が関与する場合を報告している。本実験に供試した材料は drp_2 を有する。したがって F_2 においては Table 5 a に示すごとく、正常型とぬれ葉型が分離した。表中の単遺伝子比 3:1 に対する適合度が低いのはぬれ葉型個体が移植後水田条件でしばしば枯死したためである。移植前の分離比は 3:1 に適合していた。 drp_2 は Pl 及び Pr (第 II 連鎖群) とは独立関係にあり、 wx (第 I 連鎖群)、 Pn (第 III 連鎖群)、 d_6 (第 IV 連鎖群)、 Hg (第 XII 連鎖群) とそれぞれ独立である (Table 5 b)。

e) 捲葉型

捲葉型の F_1 -160 を配した交雑の F_1 は正常型、 F_2 は

正常型と捲葉型に 3:1 の比で分離した。捲葉型に関与する遺伝子を rl_2 とする。捲葉型についてはさきに rl 遺伝子が関与し、第 III 連鎖群所属の A 遺伝子と約 41% で連鎖する場合が知られている(長尾・高橋・木下, 1964)。今回の材料はこれと異なる系統に由来するし、かつ以下に記すごとき連鎖関係にあることから、一応別個の遺伝子とみなし、両者を区分し、 rl を rl_1 今回のを rl_2 として区分した。 rl_2 は Table 6 a, b に示すごとく第 II 連鎖群の d_2 と連鎖関係にあり、 A (第 III 連鎖群)、 g (第 IV 連鎖群)、 gh (第 VI 連鎖群) 及び bc (第 XI 連鎖群) とは独立の関係であった。

f) 生理的病斑型

従来より各種の生理的病斑型が知られているが、本実験でも 2 種の病斑型を取扱い、その結果 F_1 -58, F_1 -159

Table 6. F_2 segregations in the crosses between "rolled leaf" and normal types

a) Inheritance mode

Cross combination	Phenotype	Normal	Rolled leaf	Total	Goodness of fit		
	Genotype	+	rl		Ratio	χ^2	P
F_1 -160 × H-82	obs.	357	103	460	3:1	1.67	.2-1
" × H-143	obs.	356	100	456	3:1	2.29	.2-1

b) Combined segregations between rl and linkage testers

Gene pair	Phase	F_2 segregation				Total	Goodness of fit			R. C. V. (%)	Goodness of fit	
		AB	Ab	aB	ab		Ratio	χ^2	P		χ^2	P
$rl : d_2$	Rep.	271	86	93	10	460	9:3:3:1	13.34	.01-.001	35.0	6.98	.1-.05
" : A	"	259	67	67	33	426	9:3:3:1	7.24	.1-.05	58.9		
" : bc	"	277	80	84	19	460	9:3:3:1	5.11	.2-.1	46.6		
" : g	Coup.	265	74	78	18	435	9:3:3:1	5.65	.1-.05	52.7		
" : gh	Rep.	250	106	60	40	456	9:3:3:1	17.33	<.001	56.3		

Table 7. F_2 segregations in the crosses between "brown discoloration of leaves" and normal types

a) Inheritance mode

Cross combination	Phenotype	Normal	Brown leaf	Total	Goodness of fit		
	Genotype	+	bl_7 or bl_8		Ratio	χ^2	P
F_1 -58 × A-58	obs.	351	118	469	3:1	0.01	.95-.9
" × H-80	obs.	505	147	652	3:1	2.09	.2-.1
" × H-100	obs.	379	92	471	3:1	7.51	.01-.001
F_1 -159 × H-100	obs.	387	114	501	3:1	1.35	.3-.2
F_1 -83 × N-4	obs.	308	100	408	3:1	0.05	.9-.8
" × H-25	obs.	315	127	442	3:1	3.29	.1-.05

b) Combined segregations between bl_7 and bl_8 and linkage testers

Gene pair	Phase	F ₂ segregation				Total	Goodness of fit			R. C. V. (%)	Goodness of fit	
		AB	Ab	aB	ab		Ratio	χ^2	P		χ^2	P
$bl_7 : Pn$	Coup.	112	32	24	19	187	9:3:3:1	8.77	.05-.02	36.3	1.16	8-.7
" : C	"	267	109	79	29	484	9:3:3:1	5.34	.2 -1	51.5		
" : Pl	"	200	58	69	19	346	9:3:3:1	1.46	.7 -5	50.7		
" : d_6	Rep.	288	99	88	26	501	9:3:3:1	1.69	.7 -5	47.9		
" : nl	"	305	82	92	22	501	9:3:3:1	6.23	.2 -1	48.3		
" : gl	"	299	80	71	21	471	9:3:3:1	10.97	.02-.01	51.4		
" : wx	"	267	84	91	27	469	9:3:3:1	0.50	.95-.9	49.2		
" : d_1	"	400	105	108	39	652	9:3:3:1	7.18	.1 -.05	54.5		
" : la	"	383	122	121	26	652	9:3:3:1	6.07	.2 -1	44.5		
$bl_8 : wx$	Coup.	222	86	77	23	408	9:3:3:1	1.67	.7 -5	53.7		
" : g	Rep.	145	40	43	12	240	9:3:3:1	1.99	.7 -5	50.2		
" : la	"	282	83	102	25	442	9:3:3:1	5.77	.2 -1	44.7		

Table 8. F₂ segregations in the crosses between „lopped leaf” and normal type

a) Inheritance mode

Cross combination	Phenotype	Normal	Lop leaf	Total	Goodness of fit		
	Genotype	+	<i>lop</i>		Ratio	χ^2	P
Fl-129×H-79	obs.	358	102	460	3:1	1.96	.2 -1
" ×H-127	obs.	287	119	406	3:1	4.02	.05-.02
H-69 ×Fl-152	obs.	177	65	242	3:1	0.45	.7 -5
Fl-106×N-57	obs.	408	136	544	3:1	0.00	1

b) Combined segregations between *lop* and linkage testers

Gene pair	Phase	F ₂ segregation				Total	Goodness of fit			R. C. V. (%)	Goodness of fit	
		AB	Ab	aB	ab		Ratio	χ^2	P		χ^2	P
<i>lop : bc</i>	Rep.	266	92	88	14	460	9:3:3:1	8.19	.05-.02	39.1	3.31	5-.3
" : d_{10}	"	286	122	122	14	544	9:3:3:1	20.92	<.001	32.1	0.00	>.99
" : wx	Coup.	128	49	43	22	242	9:3:3:1	3.75	.3 -2	45.9		
" : d_2	Rep.	280	78	75	27	460	9:3:3:1	4.11	.3 -2	53.6		
" : Pl	Coup.	225	62	88	31	406	9:3:3:1	5.77	.2 -1	46.6		
" : lg	Rep.	275	83	75	27	460	9:3:3:1	2.72	.5 -3	52.5		
" : A	Coup.	210	77	79	40	406	9:3:3:1	10.03	.02-.01	45.5		
" : d_6	Rep.	223	64	92	27	406	9:3:3:1	5.47	.2 -1	50.3		
" : la	"	279	79	80	22	460	9:3:3:1	4.23	.3 -2	49.6		
" : nl	"	136	41	53	12	242	9:3:3:1	2.35	.7 -5	50.0		

に含まれる晩神力病斑型には bl_7 , また Fl-83 に含まれる
 粗枯病斑型には bl_8 のいずれも単純劣性の遺伝子が関
 与していることが明らかとなった (Table 7 a). bl_7 は第
 III.連鎖群の茎節着色遺伝子 Pn との間に連鎖関係が認

められ, wx 及び C (第 I 連鎖群), Pr 及び Pl (第 II 連
 鎖群), d_6 (第 IV 連鎖群), d_1 (第 VI 連鎖群), la (第 VIII
 連鎖群), nl (第 IX 連鎖群) 及び gl (第 XII 連鎖群) とは
 それぞれ独立関係が得られた。一方 bl_8 は wx (第 I 連

鎖群) 及び *g* (第 IV 連鎖群) とは独立関係にあった (Table 7b)

g) たれ葉型

たれ葉とは葉の中肋の発達が悪いため葉身が下垂する形質である。たれ葉型と正常型との交雑 F_1 は正常型となり、 F_2 では正常型とたれ葉型が 3:1 に分離し、単純劣性遺伝子 lop_2 ¹⁾ が関与している (Table 8 a)。 lop_2 は第 XI 連鎖群所属の鎌不要遺伝子 *bc* と 39.1% の組換価で、また同連鎖群所属の上川分矮型遺伝子 d_{10} とは 32.1% で

連鎖関係を保っており、*wx* (第 I 連鎖群)、 d_2 、*Pl*、*lg* (以上第 II 連鎖群)、*A* (第 III 連鎖群)、 d_6 (第 IV 連鎖群)、*la* (第 VIII 連鎖群) 及び *nl* (第 IX 連鎖群) の各々とは独立関係にあることが確かめられた。

h) 矮性型

F_1 -163 の示す矮性型は畸型晩神力に由来する多けつ型矮性であり、単純劣性遺伝子 d_{16} が関与している (Table 9 a)。 d_{16} は粗粒遺伝子 *lx* と 19.9% なる組換価で連鎖関係を有し、同連鎖群の茎節着色遺伝子 *Pn* との間

Table 9. F_2 segregations in the crosses between "dwarf" and normal type

a) Inheritance mode

Cross combination	Phenotype	Normal	Dwarf	Total	Goodness of fit		
	Genotype	+	d_{16}		Ratio	χ^2	P
F_1 -163×H-61	obs.	315	96	411	3:1	0.59	.3-5

b) Combined segregations between d_{16} and linkage testers

Gene pair	Phase	F_2 segregation				Total	Goodness of fit			R. C. V. (%)	Goodness of fit	
		AB	Ab	aB	ab		Ratio	χ_2	P		χ^2	P
$d_{16} : lx$	Coup.	270	30	45	66	411	9:3:3:1	111.86	<.001	19.9	3.09	.3-5
" : <i>A</i>	"	162	34	24	31	251	9:3:3:1	32.94	<.001	27.1	1.94	.7-5
" : d_2	Rep.	230	85	70	26	411	9:3:3:1	1.47	.7-5	50.1		
" : <i>P</i>	Coup.	196	83	55	26	360	9:3:3:1	6.63	.1-.05	48.5		
" : <i>Pn</i>	"	293	125	97	29	544	9:3:3:1	6.72	.1-.05	55.0		

には独立とみなしてよい関係が得られた。また d_2 及び *P* (第 II 連鎖群) とは独立の関係にあった (Table 9 b)。

考 察

内穎發育不全型、粗粒型、ぬれ葉型、捲葉型、生理的斑型、たれ葉型及び矮性型の 7 種の突然変異形質にはそれぞれ単純劣性遺伝子が関与していたが、細葉型については F_2 で単遺伝子による分離比以外に 15:1 並びに 63:1 なる分離比を生じたことから、三重劣性の遺伝子構成で形質が発現するものと考えられた。このうちの 1 対は岩田・大村 (1970) の用いた細葉型 (*slender leaf*) に相当するようであるが、単遺伝子分離比以外の比は、おそらく実験に用いた連鎖検定系統の遺伝子型が岩田・大村のそれと異なるためであろう。

なお、今回見出された連鎖関係の中には、先に岩田・

大村 (1971) によって報告されたものの追試とみなすべき場合も含まれている。両者の組換価を比較対照して Table 10 として掲げた。表に示されるごとく、これらの連鎖関係における組換価には大きな相異はみられない。

しかし、捲葉型及び細葉型については一言を要する。すなわち、著者らによれば、関与遺伝子は共に第 II 連鎖群に所属するという結果であったが、岩田・大村 (1972) は三染色体植物利用の連鎖分析を通じて、細葉遺伝子が捲葉遺伝子と共に新しい連鎖群を構成するものという。このように rl_2 及び nal_1 が共に同じ連鎖群に属しているという点は著者らの結果と共通しているが、所属連鎖群名についての相異に関しては、今後の検討が必要である。岩田・大村 (1970 b) は水稻農林 8 号のガンマー線照射にもとづく突然変異体 M-100 系統由来の細葉型に関する遺伝子 *nal* が *lg* と約 10% の組換価で連鎖関係にある

1) たれ葉型については先に永松・大村 (1961) により、*lop* が関与し、第 II 連鎖群の *Pl* と 40% で連鎖することを報告している。今回、別の連鎖群の遺伝子と連鎖関係にあることから一応別個の遺伝子とし、*lop* を lop_1 に今回の lop_2 とした。

Table 10. List of linkage relations found in this experiment

Linkage group	Gene pair	R. C. V. (calculated)	
		by authors	by IWATA and OMURA
I	<i>dp₁-wx</i>	7.6	2.2
II	<i>rl₂-d₂</i>	35.0	—
	<i>nal₁-d₂</i>	24.7	—
	<i>nal₁-lg</i>	58.4	—
	<i>nal-lg</i>	—	10.0
III	<i>lx-A</i>	33.5	38.6
	<i>lx-Pn</i>	50.8	46.8
	<i>lx-d₁₆</i>	19.9	15.3
	<i>d₁₆-A</i>	27.1	39.6
	<i>bl₇-Pn</i>	36.3	—
VIII	<i>nal₂-la</i>	36.4	—
XI	<i>bc-lop₂</i>	39.1	41.6
	<i>d₁₀-lop₂</i>	32.1	—

ことを報告している。M-100の細葉型は著者らの用いた FI-系統とは明らかに異なるものであり、また連鎖関係からも *nal₁* と *lg* の間で得られた組換え価とかなり異なることから、異なる座の遺伝子による可能性が高い。

たれ葉型形質に関しては NAGAMATSU and OMURA (1961) により、第 II 連鎖群の *P₁* 遺伝子と約 40% の組換え価で連鎖することが報告されている。著者らの結果は第 XI 連鎖群の *bc* 遺伝子と 39.1% で連鎖することが認められた。従って第 XI 連鎖群に属するたれ葉遺伝子はこれを *lop₂* とする。

以上を要するに著者らはここに今回の実験を通じての特に新しい知見としては *bl₇-Pn*, *nal₂-la* 及び *d₁₀-lop₂* 間に連鎖関係を得たことになる。

摘 要

1) 連鎖地図の充実を図る目的で、8種の突然変異形質について遺伝子分析を行ない、関与遺伝子の推定と既知の標識遺伝子との連鎖独立関係の調査を行なった。

2) 内穎發育不全型には、単純劣性遺伝子 *dp₁* あるいは *dp₂* が関与しており、*dp₁* は第 I 連鎖群所属の *wx* と 7.6% の組換え価で連鎖していた。

3) 粗粒型には単純劣性遺伝子 *lx* が関与し、第 III 連鎖群所属遺伝子との間に、*lx-A-Pn* なる座位関係を

示した。

4) 細葉型は3対の重複遺伝子の劣性化すなわち、*nal₁*, *nal₂*, *nal₃* が必要である。その内の *nal₁* は第 II 連鎖群の *d₂* と 24.7% の組換え価で連鎖し、連鎖群内での座位関係は *nal₁-d₂-lg* の順となった。また *nal₂* は新たに第 VIII 連鎖群の *la* と 36.4% の組換え価で連鎖することが見出された。

5) ぬれ葉型には単純劣性遺伝子 *drp₂* が関与しており、第 I, II, III, IV, XII 連鎖群所属の遺伝子とは連鎖が認められなかった。

6) 捲葉型には単純劣性遺伝子 *rl₂* が関与しており、第 II 連鎖群所属の *d₂* と 35.0% の組換え価で連鎖することが明らかとなった。

7) 2種の生理的病斑型にはそれぞれ *bl₇* および *bl₈* が関与していた。*bl₇* は第 III 連鎖群所属の *Pn* と 36.3% の組換え価で連鎖するという結果が得られた。

8) たれ葉型には単純劣性遺伝子 *lop₂* が関与し、第 XI 連鎖群所属の *bc* 及び *d₁₀* との間で 39.1 及び 32.1% なる組換え価で連鎖関係がみられた。

9) 矮性型には単純劣性遺伝子 *d₁₆* が関与しており、第 III 連鎖群所属の *lx* と 19.9% の組換え価で連鎖関係が見出された。

10) 著者らが用いたと同じの FI-系統によって岩田・大村らは一連の連鎖分析を行なっている。それとの比較対照を通じて、今後の問題点として指摘されることは、細葉型の遺伝構成並びに *nal₁* 及び *rl₂* の所属する連鎖群に関する相異点を検討することなどである。

参 考 文 献

- 岩田伸夫・大村 武 (1970 a): 三染色体植物利用によるイネの連鎖分析 I. 育種雑, 20: 別冊 1, 221-222.
- (1970 b): イネの連鎖分析・γ線照射によって誘発された若干の変異体について. 育種雑, 20: 別冊 2, 118-119.
- (1971 a): 相互転座法によるイネの連鎖分析 I. 染色体 5, 6, 8, 9, 10, 11 に対応する連鎖群, 九州大学農芸雑誌, 25: 137-153.
- (1971 b): 同上 II. 染色体 1, 2, 3, 4 に対応する連鎖群, 育種雑, 21: 19-28.
- NAGAO, S. and M. TAKAHASHI (1963): Genetical studies on rice plant, XXVII. Trial construction of twelve linkage groups in Japanese rice. J. Fac. Agr. Hokkaido Univ. 53: 72-130.
- NAGAO, S., M. TAKAHASHI and T. KINOSHITA (1964): Genetical studies on rice plant, XXIX. Present status of rice linkage studies and some

intriguing associated problems. J. Fac. Agr. Hokkaido Univ. 54: 29-41.

長尾正人・高橋萬右衛門・森村克美 (1964): 稲の交雑に関する研究, 第 XXVIII 報. 主として外国稲より導入された数種の形態的形質とそれに関与する遺伝子, 並びにその連鎖関係, 北海道大学邦文紀要, 5: 89-96.

佐藤茂俊・木下俊郎・高橋萬右衛門 (1972): 稲の交雑に関する研究, 第 LIV 報. 西村の相互転座系統利用による稲の連鎖分析, 北海道大学農学部邦文紀要, 8: 367-376.

Summary

Mode of segregation and causal genes for some morphological character were studied by crossing with testers of the writers. These characters are i) depressed palea (2 mutants), ii) lax panicle, iii) narrow leaf, iv) dripping-wet leaf, v) rolled leaf, vi) brown discoloration of leaves (2 mutants), vii) lopped leaf and viii) dwarfness. The results obtained are as follows.

1. Depressed palea: In these mutants the palea is underdeveloped and shows a depressed appearance. They are single recessive to the normal, and are caused by dp_1 and dp_2 respectively. The dp_1 links with wx of the 1st linkage group, in 7.6% R. C. V.

2. Lax panicle: Panicle with few lateral branches and sparsely distributed spikelets on the branches are called lax panicle. This type is single recessive to the normal. The causal gene lx links with A of the 3rd linkage group, in 33.5% R. C. V.

3. Narrow leaf: Leaves with narrow and long blades are called narrow leaf. The narrow leaf is caused by triple recessive state of multiple genes,

nal_1 , nal_2 and nal_3 . One of the causal genes, nal_1 , links with d_2 of the 2nd linkage group, in 24.7% R. C. V.

4. Dripping-wet leaf: This is a gene for dripping-wet of leaves, which means "doesn't repel water" in the presence of rain fall. This character is monogenically recessive (drp_2) to the normal, the "repelling" type.

5. Rolled leaf: Leaf blade margins are incurved, forming a half cylinder. This is single recessive to the normal. The causal gene rl_2 gives an indication of linkage to d_2 in the 2nd linkage group, with 35.0% R. C. V.

6. Brown discoloration of leaf: These mutants are non-pathogenic physiologic diseases showing brown mottled discoloration of leaf sheathes and blades, and are simple recessive to the normal. Their causal genes are denoted as bl_7 and bl_8 respectively. The bl_7 links with Pn of the 3rd linkage group, in 36.3% R. C. V.

7. Lopped leaf: Since midrib of leaf is underdeveloped, leaf shows a lopped or drooped appearance. This is monogenic recessive character caused by lop_2 . This gene links with bc and d_{10} of the 11th linkage group, in 39.1% and 32.1% R. C. V.

8. Dwarfness: This is a kind of "tillering" dwarf, and is simple recessive to the normal. The causal gene d_{16} links with lx of the 3rd linkage group, in 19.9% R. C. V.

9. In the results obtained in the present examination, the assignment of the gene bl_7 in the 3rd linkage group and that of the nal_1 and rl_2 in the 2nd linkage group are the new findings of the writers.