



# HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	主働遺伝子支配による穂型の主成分分析を用いた群別 : 稲の交雑に関する研究 第LXXVI報
Author(s)	村井, 正之; MURAI, Masayuki; 井川, 義孝 他
Citation	北海道大学農学部邦文紀要, 12(4), 248-261
Issue Date	1981-06-30
Doc URL	<a href="https://hdl.handle.net/2115/11956">https://hdl.handle.net/2115/11956</a>
Type	departmental bulletin paper
File Information	12(4)_p248-261.pdf



# 主働遺伝子支配による穂型の主成分分析を用いた群別

—稲の交雑に関する研究 第 LXXIV 報—<sup>1)2)</sup>

村井正之・井川義孝  
木下俊郎・高橋萬右衛門  
(北海道大学農学部作物育種学教室)  
(昭和 55 年 9 月 30 日受理)

## Classification of Panicle Types Governed by Several Major Genes Applying the Principal Component Analysis

—Genetical Studies on rice plant, LXXIV—

Masayuki MURAI, Yoshitaka IGAWA, Toshiro KINOSHITA  
and Man-emon TAKAHASHI

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

### 緒 言

稲の穂型に関する主働遺伝子としては、*Ur* (枝梗彎曲), *Dn* (密穂), *lx* (疎穂), *sp* (短穂), *Cl* (穎花叢生) および *ri* (輪生枝梗) などが知られており、それぞれ穂全体または穂の部分形質にそれらの特徴を示すばかりでなく、植物体の他の形質にも多面作用を有することがある<sup>6)</sup>。すなわち、*Ur* に関しては、枝梗の彎曲に伴い、1 穂穎花数、着粒密度、枝梗分枝度が顕著に増加し、穂数が減少することが明らかにされており<sup>6)1)</sup>、また、*lx* については、1 穂穎花数、2 次枝梗数、穂長および稈長、穂数の減少を伴うことが知られている<sup>1)</sup>。FUTSUHARA ら<sup>1)2)</sup> は、1 穂穎花数、1, 2 次枝梗数と穂長、1 次枝梗長を組み合わせた 3 種の穂密度表示方法によって、疎および密穂の程度をより正確に表わすことを試みた。しかし、穂型に関する主働遺伝子の多面作用が各種の量的形質に如何なる影響を与えるかを相互に比較しながら穂型の特徴を解析する試みはまだなされていない。本実験では、*Ur* など 6 種の主働遺伝子をそれぞれ有する 25 系統に、関与遺伝子の不明な 4 種の密穂系統、4 種の矮性系統、*nl* (穂首苞葉) を有する系統および正常型の一般品種 8 系統を加えた合計 42 系統を供試して主成分分析を

行い、さらに、基準化バリマックス法による主成分軸の直交回転を適用し、回転後の因子を用いて、主働遺伝子により支配される穂型の群別を試みた。また、群別関係に及ぼす環境要因の影響について、2 水準の栽植密度を設けて検討した。

稿を草するにあたり、御校閲を賜わり、多くの有益な助言をいただいた岡山大学助教授 小西猛朗博士に心よりの謝意を表す。また、供試材料の一部を提供された北海道立道南農業試験場 森村克美博士の御厚意に深謝する。

### 材料および方法

Table 1 に示すように、供試材料の主なものは *Ur* などの 6 種の穂型に関する主働遺伝子を有する 25 系統であり、それぞれの主働遺伝子を有する系統群を *Ur* 群、*Dn* 群、*lx* 群、*sp* 群、*Cl* 群ならびに *ri* 群と略称する。なお、それぞれの系統群には、2 種の主働遺伝子を有するため 2 群に属する系統があり、また、6 種の主働遺伝子のいずれかと矮性遺伝子や *nl* (穂首苞葉) 遺伝子を併せ持つ系統もあった。各群内の系統数はまちまちで、*Ur* 群に属するものが最も多く、8 系統あったが、最も少ない *lx* 群は 2 系統のみよりなる。以上に加えて、*d<sub>1</sub>* など

1) 文部省科学研究 (一般研究 B) 課題番号 248031 による研究成果

2) 北海道大学農学部育種学教室業績

Table 1. Strains used in the experiment

Strain No.	Name or origin	Genotype
A-32	Fûren-bôzu	<i>Ur</i>
N-54	Megurosakae-a	<i>Ur</i>
N-55	Megurosakae-b	<i>Ur</i>
H-85	Linkage tester	<i>Ur d<sub>2</sub></i>
H-86	do	<i>Ur d<sub>1</sub></i>
H-131	do	<i>Ur ri</i>
H-230	do	<i>Ur nl</i>
H-232	do	<i>Ur Dn</i>
N-53	Mutant strain ( <i>Dn</i> )	<i>Dn</i>
H-462	Linkage tester	<i>Dn</i>
H-463	do	<i>Dn</i>
H-137	do	<i>Dn nl</i>
H-147	do	<i>Dn d<sub>10</sub></i>
H-482	do	<i>lx</i>
H-483	do	<i>lx nl</i>
H-484	do	<i>sp</i>
H-485	do	<i>sp</i>
H-486	do	<i>sp Cl</i>
H-487	do	<i>sp Cl</i>
H-337	do	<i>Cl</i>
H-488	do	<i>Cl</i>
H-489	do	<i>Cl ri</i>
H-490	do	<i>ri</i>
H-491	do	<i>ri</i>
H-68	do	<i>ri</i>
A-23	Daikoku	<i>d<sub>1</sub></i>
A-26	Ebisu	<i>d<sub>2</sub></i>
A-28	Ebisu-mochi	<i>d<sub>6</sub></i>
N-57	Kamikawa-bunwai	<i>d<sub>10</sub></i>
H-103	Linkage tester	<i>nl</i>
N-59	Kairyô-bôzu-mitsuryû (Dense panicle strain)	unknown
E-49	Byôrai-B-41 gô (Dense panicle strain from Taiwan)	unknown
E-59	Dense panicle strain from Aomori prefectural Agric. Exp. Station	unknown
H-310	Linkage tester (Dense panicle)	unknown
	Bôzu-5 gô (Cultivar in Hokkaido)	
	Ishikari-shiroke ( do )	
	Eikô ( do )	
	Yûkara ( do )	
	Shiokari ( do )	
	Hayayuki ( do )	
	Narukaze ( do )	
	Ishikari ( do )	

の矮性遺伝子を単独に持つ4系統や *nl* 系統, 関与遺伝子の不明な4種の密穂系統を供したが, これらは系統群とせず, 単独に取扱った。また, 正常型としては, 穂重型から穂数型に至る北海道の栽培品種8系統を選び, これらを正常群と名付けた。以上の42系統を1978年4月29日に苗床に播種し, 6月2日に1本植で本田に移植し

た。施肥は10アールあたり, ちっ素4.8 kg, 磷酸4.8 kg, 加里3.0 kg とし, 全量を基肥として用いた。栽植密度は, 30.2 cm×14.5 cm および30.2 cm×4.8 cm の2水準とし, 2反復を設けた。なお, 前者は北海道における標準的な栽植密度であるが, 便宜上, 前者を疎植, 後者を密植と称する。1プロットに植えた3列(15個体)のう

Table 2. Characters used in principal component analysis

Character	Explanation
1. No. of spikelets per panicle	Panicle of main culm
2. No. of primary branches	do
3. No. of secondary branches	do
4. No. of branching points on panicle axis ("Dansu" in Japanese)	Value of this character is always less than that of no. of primary branches because two or more primary branches arise from one point on panicle axis
5. No. of spikelets per primary branch	No. of spikelets setting on primary branches/No. of primary branches
6. No. of spikelets per secondary branch	No. of spikelets setting on secondary branches/No. of secondary branches
7. Percentage of spikelets on secondary branches	No. of spikelets setting on secondary branches/No. of spikelets per panicle
8. Verticillate index of primary branch	No. of primary branches/No. of branching points on panicle axis
9. Branch index	No. of secondary branches/No. of primary branches
10. Panicle length	Length from neck of panicle to tip of panicle
11. Substantial panicle length	Length from the branching point in the bottom of panicle to tip of panicle
12. Length of primary branch	Total length of primary branches/No. of primary branches
13. Length of secondary branch	The mean length of secondary branches on the primary branch arose from the point near the bottom
14. Unhulled grain length	
15. " width	
16. No. of panicles	per plant
17. Culm length	measured in the main culm
18. 1st internode length	do
19. 2nd "	do
20. 3rd "	do
21. 1st leaf sheath length	do
22. 2nd "	do
23. 3rd "	do
24. 1st leaf blade length	do
25. 2nd "	do
26. 3rd "	do
27. 1st leaf blade width	do
28. Culm diameter	2nd internode
29. Culm wall thickness	do



Fig. 1. Panicles of normal-, *lx*-, *Cl*-, *Ur*-, *Dn*-, *ri*- and *sp*-types (From left to right).

ち、中央の1列(5個体)のみを調査に用いた。成熟後、個体別に、Table 2 に示した穂部の13形質と茎葉部の14形質および籾長、籾幅の合計29種の形質を調査した。また多変量解析の計算には、北海道大学大型計算機センターのライブラリープログラム SPSS (Statistical Package for the Social Sciences) を用いた。

実験結果

1. 主働遺伝子に基づく穂型の特徴

6種の穂型に関与する主働遺伝子, *Ur*, *Dn*, *lx*, *sp*, *Cl*

ならび *ri* によって生ずる形質表現の特徴について検討した。2種の主働遺伝子を併せ持つ系統をあらかじめ各群から除いたのち、それぞれの系統群における穂部形質の平均値を正常群に対する比率で表わした (Table 3)。なお, *Ur*, *Dn* および *lx* 群の中には各主働遺伝子と共に矮性遺伝子や *nl* を併せ持つ系統もあったが、それらはそれぞれの系統群に含めて平均値を算出した。また, Fig. 1 は各主働遺伝子による形質表現の特徴を良く示した写真である。以下に各群の特徴を述べる。

(1) *Ur* (枝葉彎曲) 群

NAGAO and TAKAHASHI<sup>12)</sup> によれば, *Ur* は不完全優性遺伝子で、枝梗の彎曲や2次枝梗の分枝を顕著にする作用を有し、成熟後は三叉状に展開した穂型を呈する。Table 3 に示すように, *Ur* 群は正常群に比べて、1穂穎花数, 1, 2次枝梗数, 枝梗分枝度が著しく増加したが、穂長や1次枝梗長については正常群とほとんど差がなかった。しかし、2次枝梗長は、2次枝梗数や2次枝梗着生穎花数などと同様に増加した。

(2) *Dn* (密穂) 群

不完全優性遺伝子 *Dn* を有すると著しい密穂になり、イソピエ状の穂型を示す<sup>12)</sup>。 *Dn* 群では、2次枝梗の著しい増加はみられたものの、1穂穎花数は *Ur* 群ほど増加せず、1次枝梗着生穎花数は減少した。また、穂長や

Table 3. Characteristics of panicle in the six kinds of groups. The mean values of each group were indicated by percentages as compared with those of the normal group (calculated on the data in sparse planting)

Character	Mean value of normal group	Group					
		<i>Ur</i>	<i>Dn</i>	<i>lx</i>	<i>sp</i>	<i>Cl</i>	<i>ri</i>
1. No. of spikelets per panicle	111.8	230	117	15	37	134	106
2. No. of primary branches	9.8	150	111	89	68	112	99
3. No. of secondary branches	21.0	250	150	43	17	156	123
4. No. of branching points <sup>1)</sup>	6.6	135	101	88	66	98	41
5. No. of spikelets <sup>2)</sup>	5.5	54	61	16	95	79	86
6. No. of spikelets <sup>3)</sup>	3.09	130	94	32	54	99	90
7. Percentage of spikelets <sup>4)</sup>	54.3	151	77	90	27	125	111
8. Verticillate index <sup>5)</sup>	1.48	111	112	104	105	90	256
9. Branch index	2.15	171	137	48	25	136	124
10. Panicle length	18.2 (cm)	106	83	95	84	115	79
11. Substantial panicle length	18.2 ( " )	106	83	95	55	115	79
12. Length of primary branch	7.2 ( " )	105	77	115	60	101	108
13. Length of secondary branch	1.36 ( " )	178	65	143	40	44	103

Note: 1) on panicle axis, 2) per primary branch, 3) per secondary branch, 4) on secondary branches, 5) of primary branch.

1・2次枝梗長は明らかに短縮した。

(3) *lx* (疎穂) 群

*lx* は単純劣性遺伝子で、着粒を著しく疎にせしめる<sup>9)</sup>。2次枝梗の分枝は少なく、1次枝梗着生穎花数も著しく減少し、1穂穎花数は極端に少なかった。しかし、穂長や1次枝梗長は正常群とあまり差がみられなかった。

(4) *sp* (短穂) 群

単純劣性遺伝子 *sp* は穂の下部の1次枝梗を退化させる<sup>3)</sup>。実穂長や1, 2次枝梗長が減少し、2次枝梗数や1穂穎花数も著しく減少した。

(5) *Cl* (穎花叢生) 群

不完全優性遺伝子 *Cl* は穎花を叢生状に着生させる作用を有する<sup>4)13)</sup>。2次枝梗長は著しく短縮し、1次枝梗着生穎花数も少なかったが、2次枝梗数は多かった。

(6) *ri* (輪生枝梗) 群

劣性遺伝子 *ri* は1次枝梗を輪生状に着生させる<sup>12)</sup>ので、段数が減少し、1次枝梗輪生度は著しく増加した。また、穂軸の短縮により穂長が短くなった。

2. 1穂穎花数と実穂長における栽植密度反応

本実験で調査した穂部の13形質のうち、最も重要な1穂穎花数と実穂長について、各系統群の平均値が疎植と密植の2条件でどのように変動するかを検討した。

(1) 1穂穎花数

Fig. 2 に示すように、1穂穎花数は、一般に、密植条件により減少した。*Cl*, *Dn* および *ri* の各群は正常群と同程度の減少傾向を示したが、*Ur* 群は正常群よりも減少度合が大きかった。他方、*sp* や *lx* 群はほとんど影響を受けなかった。分散分析においても系統と栽植密度の相互作用が有意となった。このように、栽植密度反応は、*lx* や *sp* 群のように本来1穂穎花数の少ない場合には減少度合が小さく、反対に、1穂穎花数の多い *Ur* 群では減少度合が大きかった。

(2) 実穂長

穂長は、通常、穂首より穂先までの長さであるが、特に *sp* を有すると、穂首より分枝すべき1次枝梗が常に退化する。そこで、ここでは穂軸上の最下部に着生した1次枝梗の分枝点より穂の先端までを実穂長と称することにした。Fig. 3 に示すように、実穂長では、*sp* 群が密植により増加した以外、すべて1穂穎花数と同様に減少傾向を示した。*Cl*, *Ur*, *lx* および *ri* の各群は正常群に似た反応を示した。ただし、*Dn* 群のみは他群より減少程度が大きかった。

3. 主成分分析による穂型の群別

供試した全42系統について、Table 1 に示した29種

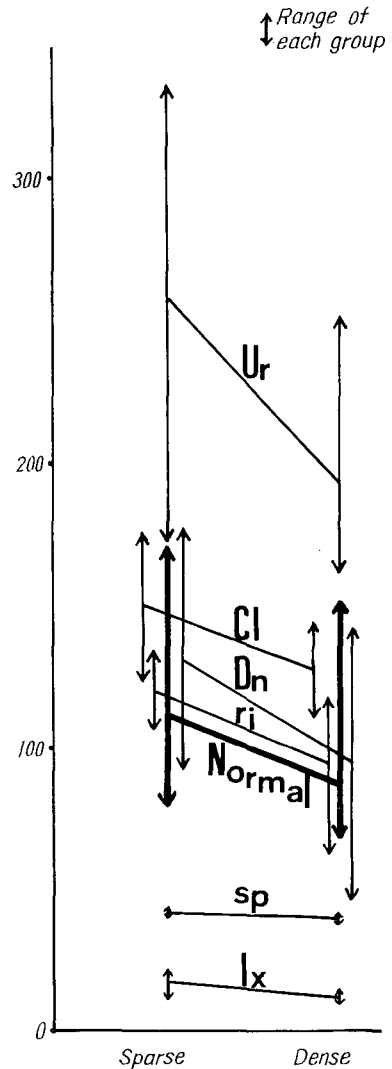


Fig. 2. The effect of plant density on number of spikelets.

Note: LSD at the 0.05% probability level was calculated as 25.6 by using the data of 42 strains in sparse and dense plantings.

の形質について疎植区における形質値を用いて主成分分析を行ったところ、Table 4 に示す因子負荷量および固有値を得た。第I主成分は全分散の44.1%を説明し、第I~第VIIの主成分まで含めると全分散の87.1%を説明することができた。第VIII主成分以降は固有値が1より小で寄与率も小さかったので、第VII主成分までを考察の対象に用いた。

さらに、各主成分をより単純な因子構造に変換し、生

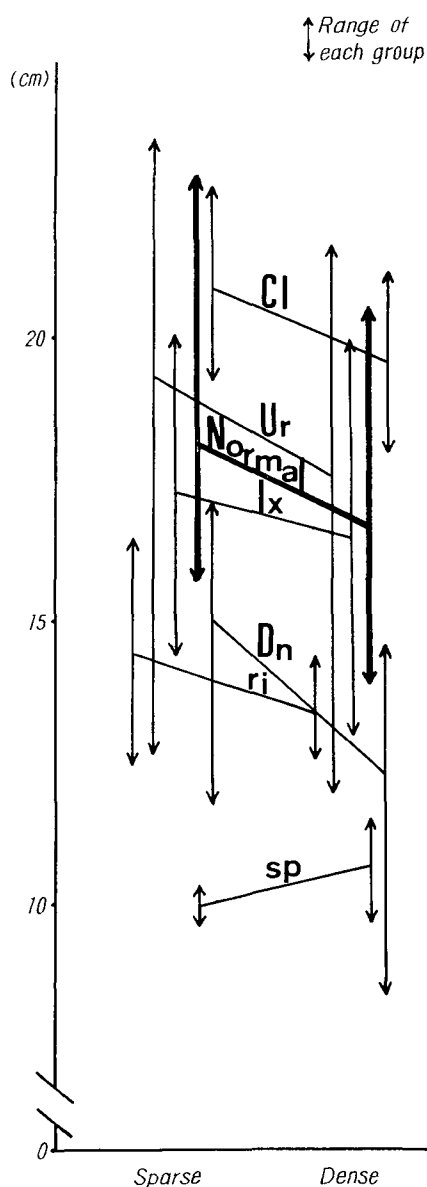


Fig. 3. The effect of plant density on substantial panicle length.

Note: LSD at the 0.05% probability level was calculated as 2.38 cm by using the data of 42 strains in sparse and dense plantings.

物学的な解釈を容易にするため、基準化バリマックス法による主成分軸の直交回転を行った。単純構造とは、1つの因子に対し、1群の変量が特に高い正または負の因子負荷を有し、他の変量の因子負荷が0に近い因子構造を云うが、基準化バリマックス法は単純構造へ変換する

直交回転のうちの代表的な方法である<sup>14)</sup>。

回転後の各因子を寄与率の高い順に並べ、第I~第VII因子とした。従って、回転後の因子に付した番号と回転前の主成分の番号は対応していない。Table 5に示すように、回転後の第I因子は稈長、節間長、葉身長、葉鞘長とそれぞれ高い相関を示し、茎葉部の大きさ(特に長さ)を表わす因子と考えられる。第II因子は1穂穎花数、1、2次枝梗数、2次枝梗着生穎花数、2次枝梗着生穎花歩合および枝梗分枝度と高い相関を有し、枝梗特に2次枝梗とそれに着生する穎花により1穂穎花数の増減に係わる因子、つまり、穂を構成する数の形質の因子と考えられる。また、この因子は稈径と正の相関を示した。第III因子は、1次枝梗輪生度とは正の、段数とは負の相関を示し、1次枝梗が穂軸上で輪生状に着生する度合を表わす因子と考えられる。第IV因子は稈壁の厚さと高い相関のみられる因子であった。第V因子は、穂長、実穂長、1次枝梗長などと係わりの深い因子で、穂を構成する長さの形質の因子と考えられる。この因子は、穂長、1次枝梗長の外に、第1節間長、第1葉鞘・葉身長といった穂長と発育上の相関関係を有する形質とも高い相関を示した。しかし、2次枝梗長は、第V因子より、むしろ第II因子と高い相関がみられ、数の形質としての性格が強かった。第VI因子は、1次枝梗着生穎花数と特に高い相関がみられた。第VII因子は、穂数と稈長、第2および第3節間長に重点を置いた草型を表わす因子と考えられる。

回転後の因子を用いて供試系統の穂型を群別するため、因子スコアを算出した。因子スコアの推定値には、「独自性を最小にする因子スコアの推定値」<sup>14)</sup>を用い、2種の因子を組み合わせたスコア散布図を作製した。それらについて以下に説明を加える。

(1) 第IIおよび第V因子によるスコア分布

Fig. 4に示すように、穂を構成する数の形質の因子である第II因子のスコアは、Ur群>Dn群>正常群>Cl群≒ri群>sp群>lx群という大小関係を示した。すなわち、2次枝梗数と1穂穎花数の著しく多いUr群、2次枝梗数が多いにもかかわらず、1穂穎花数がUr群ほど多くないDn群、2次枝梗数と1穂穎花数が著しく少ないsp群、2次枝梗数が少なく、1穂穎花数の極端に少ないlx群ならびに正常群の5群の群別が可能となった。なお、Cl群とri群のスコアは正常群とあまり変らなかった。

穂を構成する長さの形質の因子である第V因子では、lx群とUr群が正常群と同程度のスコアを示したが、Dn

**Table 4.** Factor loading (indicated by percentage), eigen value and contribution obtained from principal component analysis calculated on the data in sparse planting

Character	Factor						
	I	II	III	IV	V	VI	VII
1. No. of spikelets per panicle	83	-49	-13	4	9	-10	3
2. No. of primary branches	85	-20	-25	5	1	-17	15
3. No. of secondary branches	80	-54	-5	9	-4	-16	4
4. No. of branching points <sup>1)</sup>	58	-14	-68	-6	13	-23	4
5. No. of spikelets <sup>2)</sup>	-10	17	21	-40	73	23	-15
6. No. of spikelets <sup>3)</sup>	47	-71	11	-17	30	-10	-21
7. Percentage of spikelets <sup>4)</sup>	54	-76	15	6	-5	-7	-2
8. Verticillate index <sup>5)</sup>	25	-3	79	18	-27	11	13
9. Branch index	55	-75	16	13	-3	-4	-1
10. Panicle length	62	24	-60	19	-18	23	-10
11. Substantial panicle length	81	-5	-37	-2	-7	34	2
12. Length of primary branch	73	-7	-2	1	-28	54	15
13. Length of secondary branch	62	-56	-5	-11	-5	16	-23
14. Unhulled grain length	37	67	-5	9	-24	5	3
15. " width	33	2	47	45	15	7	22
16. No. of panicles	-53	-1	-14	-31	-10	-9	56
17. Culm length	80	45	18	-9	-6	-3	-26
18. 1st internode length	73	10	18	-45	13	32	10
19. 2nd "	70	40	15	-25	-23	6	-31
20. 3rd "	66	45	16	14	-11	-29	-35
21. 1st leaf sheath length	81	25	-2	-36	-2	3	10
22. 2nd "	81	38	14	-12	-10	-19	7
23. 3rd "	67	60	1	6	9	-35	13
24. 1st leaf blade length	85	17	8	-22	-5	7	24
25. 2nd "	82	30	8	-7	29	-5	18
26. 3rd "	66	47	-0	21	31	-26	11
27. 1st leaf blade width	74	-21	7	31	23	14	27
28. Culm diameter	91	-22	12	6	-8	-9	-11
29. Culm wall thickness	7	41	-20	59	38	38	-11
Eigen value	12.8	4.9	2.2	1.6	1.4	1.3	1.1
Contribution (%)	44.1	16.7	7.7	5.5	4.8	4.5	3.7
Cumulated (%)		60.9	68.5	74.0	78.9	83.3	87.1

Note: 1) on panicle axis, 2) per primary branch, 3) per secondary branch, 4) on secondary branches, 5) of primary branch.

群と *sp* 群のスコアはそれらより明らかに小さく、穂長、1, 2次枝梗長の短縮する *Dn* 群と穂軸下部の1次枝梗の退化により実穂長が減少し、1, 2次枝梗長も著しく短い *sp* 群の特徴がよく表現された。2次枝梗長の著しく短い

*Cl* 群と穂長の短い *ri* 群のスコアは、それぞれ、正常群よりやや小さかった。

Fig. 4 によつて、*Ur*, *Dn*, *lx*, *sp* および正常の各群を相互に群別したが、*ri* 群と *Cl* 群は群別できなかった。

**Table 5.** Factor loading (indicated by percentage) after rotation calculated on the data in sparse planting

Character	Factor						
	I	II	III	IV	V	VI	VII
1. No. of spikelets per panicle	31	89	-12	8	21	-5	-0
2. No. of primary branches	52	67	-21	11	24	-18	-9
3. No. of secondary branches	28	91	-2	1	16	-18	2
4. No. of branching points <sup>1)</sup>	35	48	-68	13	15	-14	-11
5. No. of spikelets <sup>2)</sup>	3	-15	-3	8	-6	90	2
6. No. of spikelets <sup>3)</sup>	-3	88	-3	-12	-4	31	12
7. Percentage of spikelets <sup>4)</sup>	-5	92	16	-11	9	-8	5
8. Verticillate index <sup>5)</sup>	16	14	86	-8	10	-8	9
9. Branch index	-5	92	19	-3	9	-9	4
10. Panicle length	36	44	-26	21	68	-8	9
11. Substantial panicle length	38	12	-45	36	55	-32	21
12. Length of primary branch	25	36	16	13	82	-12	6
13. Length of secondary branch	1	77	-7	-9	36	5	25
14. Unhulled grain length	60	-34	2	15	30	-22	14
15. " width	24	23	58	40	-2	-1	-6
16. No. of panicles	-25	-35	-9	-32	-6	-5	-65
17. Culm length	82	12	9	1	28	7	42
18. 1st internode length	51	29	11	-11	58	43	-0
19. 2nd "	68	6	5	-17	40	5	47
20. 3rd "	79	9	7	8	-3	-14	50
21. 1st leaf sheath length	74	25	-8	-12	47	14	0
22. 2nd "	88	18	9	-6	23	-5	9
23. 3rd "	96	-1	-3	17	-0	-7	-1
24. 1st leaf blade length	71	33	9	-4	49	6	-9
25. 2nd "	80	29	3	21	23	22	-8
26. 3rd "	84	11	-3	40	-6	4	-2
27. 1st leaf blade width	34	62	19	44	27	1	-15
28. Culm diameter	52	71	11	2	25	-9	24
29. Culm wall thickness	8	-24	-6	86	10	7	18

Note: 1) on panicle axis, 2) per primary branch, 3) per secondary branch,  
4) on secondary branches, 5) of primary branch.

*Ur* と *Dn* を併せ持つ H-232 は *Ur* 群と *Dn* 群の中間に位置した。密穂系統のうち N-59, E-59 および H-310 ( $d_6$ ) は *Dn* 群の近くに位置したが、E-49 だけは *Ur* 群の分布域中に位置した。なお、これらの密穂系統には、*Ur* や *Dn* 以外の遺伝子が関与するようである。A-23 および A-28 も *Dn* 群の近くに位置し、これらの系統が有する  $d_1$  や  $d_6$  も穂長、枝梗長の短縮や2次枝梗数の増加により密穂化をもたらすことが明らかとなった。第 V 因

子において、 $d_1$ ,  $d_6$ ,  $d_{10}$  あるいは  $nl$  を有する系統のスコアは正常群より小であったが、A-26 や H-85 のような  $d_2$  を有する系統のスコアは正常群と同程度であった。従って、 $d_2$  は、他の矮性遺伝子と異なり、穂の長さの形質に対する短縮作用を有さない。

#### (2) 第 III および第 IV 因子によるスコア分布

Fig. 5 に示すように、第 III 因子によって、1次枝梗の輪生が顕著な *ri* 群を他から群別できた。第 VI 因子は

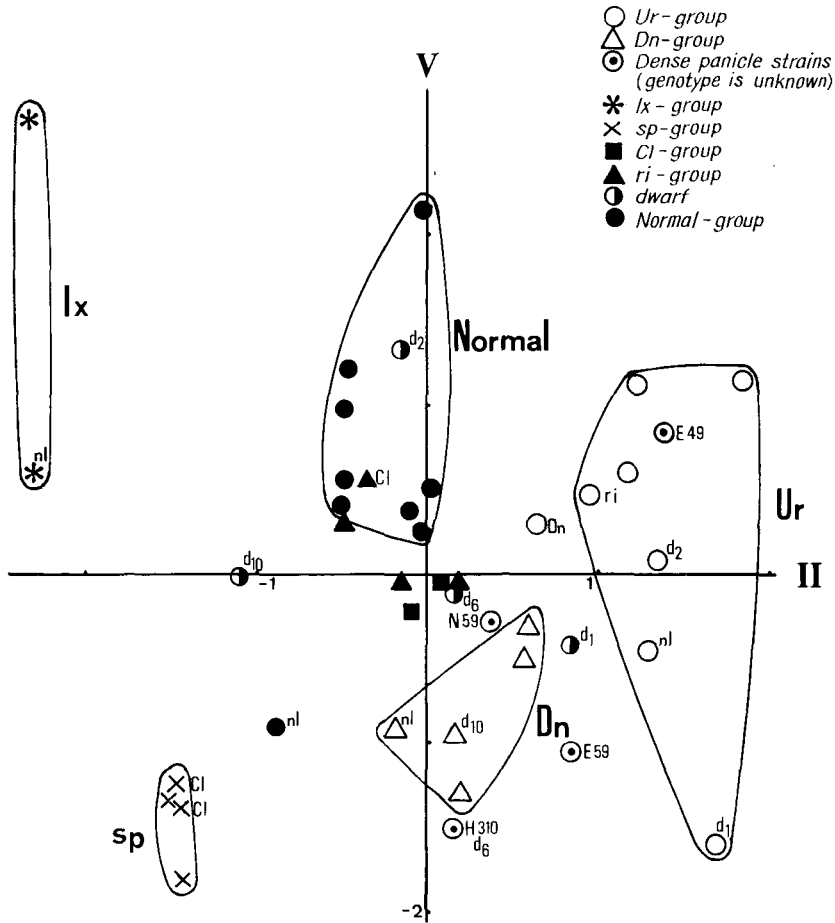


Fig. 4. Scatter diagram of 42 strains in 2nd and 5th components calculated on the data in sparse planting.

1次枝梗着生穎花数を表す因子であったが、スコアの大きさは正常群≧sp群>ri群≧Cl群>Ur群≧Dn群>lx群の順となった。第VI因子でのUr群とDn群のスコアが正常群より小さくなったのは、1次枝梗上部まで2次枝梗が分枝するため、1次枝梗に直接着生する穎花が減少したことによる。lx群では2次枝梗の分枝が少ないが、1次枝梗着生穎花数さえも著しく少なかった。Cl群の第VI因子スコアは、正常群より小さく、Ur群とは重複していた。しかし、第II因子においてCl群とUr群を群別できたので、第II因子と第VI因子を用いるならば、Cl群を他群から群別できる。先に、第II因子と第V因子を用いてUr, Dn, lx, spおよび正常の5群を相互に群別し、ここでさらにri群とCl群を他群から群別できた。以上の結果から、6種の穂型に関与する主働遺伝子をそれぞれ有する6つの系統群ならびに正常

群を、すべて相互に群別できた。

なお、Fig. 5において、N-59とE-59はUr群の分布域中かその近くに位置し、また、E-49は正常群に、H-310はri群に近い位置にあった。他方、矮性系統は、いずれも正常群の分布域の近傍に位置した。

4. 穂型の群別に及ぼす栽植密度の影響

密植と疎植の2水準を一括して主成分分析を行い、さらに、主成分軸の回転を試みて7種の因子についての因子負荷量を算出したところ、それらは疎植区のデータを単独に用いて得た第I~第VII因子 (Table 5) とほとんど変わらなかった。

Fig. 6には第IIおよび第V因子を用いて作成したスコア散布図を示した。なお、図の矢印のつけ根が疎植区のスコアで、先方が密植区のスコアである。穂を構成する数の形質の因子である第II因子では、ほとんどの系統

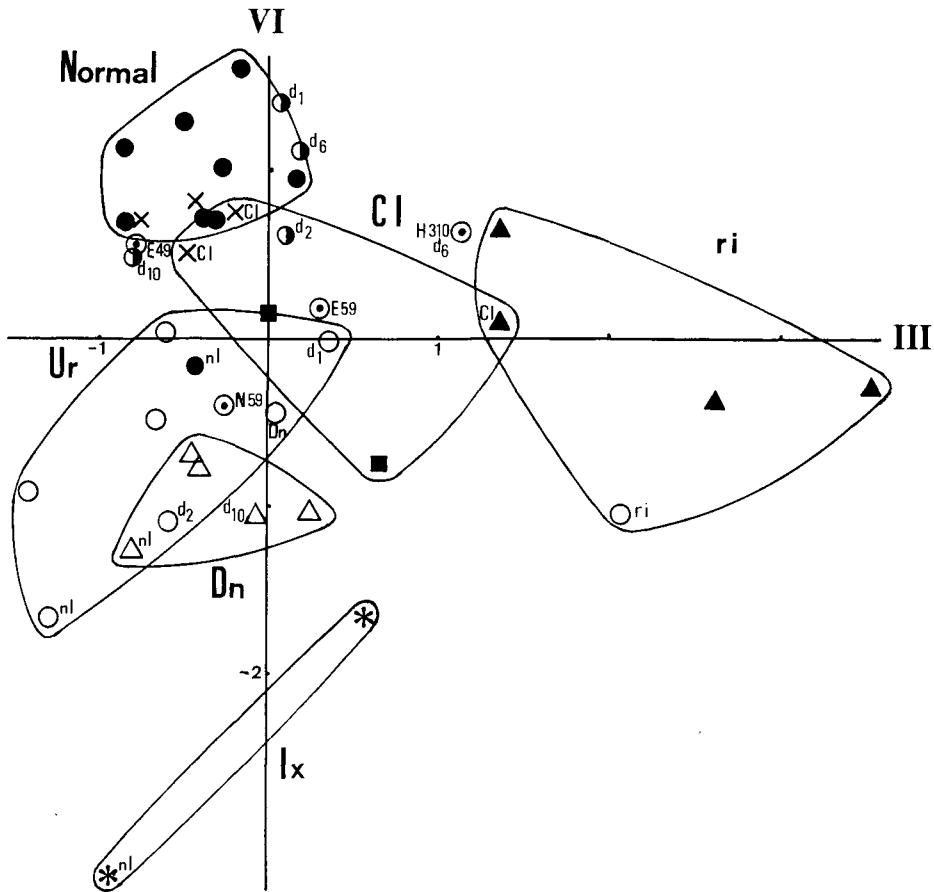


Fig. 5. Scatter diagram of 42 strains in 3rd and 6th components calculated on the data in sparse planting. (Symbols are the same as in Fig. 3.)

において、密植区のスコープが疎植区のスコープより減少し、特に、*Ur* 群において密植によるスコープの減少度合が大きかった。すなわち、1穂穎花数、2次枝梗数などの第II因子と関係の深い形質の密植による減少度合が大きかったためである。穂を構成する長さの形質の因子である第V因子のスコープでは、正常群および*Dn*群が密植により減少傾向を示したが、その他の系統群は一定の傾向を示さなかった。しかし、このような栽植密度反応にもかかわらず、スコープ分布上の各群相互の位置関係は疎植単独の場合の Fig. 4 とほとんど変らなかった。

第III因子と第VI因子によるスコープ散布図を Fig. 7 に示した。1次枝梗輪生度を表わす第III因子では、*ri* 群が H-489 (*riCl*) を除いて密植により減少した。おそらく、*ri* による1次枝梗の輪生効果は密植によって弱められると考えられる。しかし、他の系統群は一定方向への反応を示さなかった。また、1次枝梗着生穎花数を表

わす第VI因子においても、各群の反応はまちまちであった。なお、1次枝梗着生穎花数の分散分析においても栽植密度要因は有意とならなかった。しかし、各群相互の位置関係は、やはり、疎植単独の場合 (Fig. 5) とほとんど変らなかった。

#### 考 察

高橋・武田<sup>15)</sup>は、種々の遺伝子型を有する矮性系統や *nl* 系統を用いて、6種の節間長比型を群別した。穂も稈と同様に一種の複合形質であるが、その構成要因は複雑で、節間長比型のような単純なモデル化は困難であった。そこで、本研究では、数種の主働遺伝子によって支配される穂型に対して、主成分分析を適用し、さらに、基準化バリマックス法による直交回転を行って、一種の複合形質とも言える因子スコープを算出し、穂型の特徴を把握して群別することを試みた。MORISHIMA and

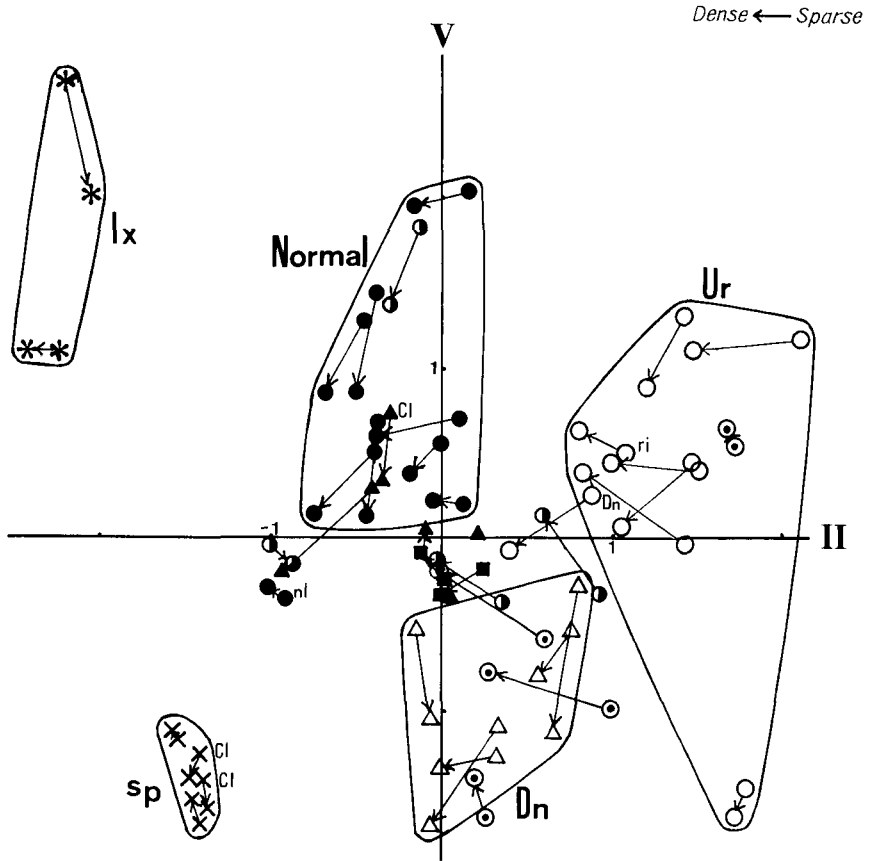


Fig. 6. Scatter diagram of 42 strains in 2nd and 5th components calculated on the data in both sparse and dense plantings. (Symbols are the same as in Fig. 3.)

OKA<sup>10)</sup> は突然変異系統を用いて稲の草型解析のために、また、上島<sup>5)</sup> は矮性稲の分類に主成分分析法を適用している。また、宮浦<sup>8)</sup> は、てん菜の品種分類のためにバリマックス法による直交回転を適用し、抽出した主成分の生物学的解釈の困難な場合、単純構造への変換により、その解釈を容易にすることができると述べている。

本実験では、主成分軸の直交回転を行って、7種の因子を導いた。これら7種の因子のうち、第II、第III、第Vおよび第VIの4種の因子は、穂型に深く係わる因子と考えられた。第II因子は、1穂穎花数、1、2次枝梗数、2次枝梗着生穎花数など高い相関関係にあり、穂を構成する数の形質の因子と考えられた。他方、第V因子は、穂長、実穂長や1次枝梗長と相関が高く、穂を構成する長さの形質の因子と考えられた。第1節間長および第1葉鞘・葉身長はこの第V因子と高い相関を示し、茎葉部形質と穂長、1次枝梗長の発育的な関係が示唆さ

れた。MORISHIMA and OKA<sup>10)</sup> は、穂長と第1節間長には正の、第3以下の節間には負の因子負荷を与える草型の「アロメトリー」を表わす主成分を導いたが、本実験における第V因子は第3節間長や第3葉鞘・葉身長とはほとんど相関がみられなかった。なお、2次枝梗長は第V因子よりも第II因子と相関が高く、むしろ、数の形質としての性質を示した。第VI因子は1次枝梗着生穎花数とだけ高い相関を示す因子であった。従って、1次枝梗着生穎花数は、第II因子と関係の深い1、2次枝梗数や2次枝梗着生穎花数などの形質とは異なった性質を有すると考えられ、1穂穎花数を構成する形質の中では特異的であった。他方、第III因子は、第II因子や第V因子と異なり、1次枝梗の輪生という形(shape)を表わす因子であった。

これらの因子のスコアによって各群は明瞭に群別できたので、穂型に関与する6種の主働遺伝子による形質

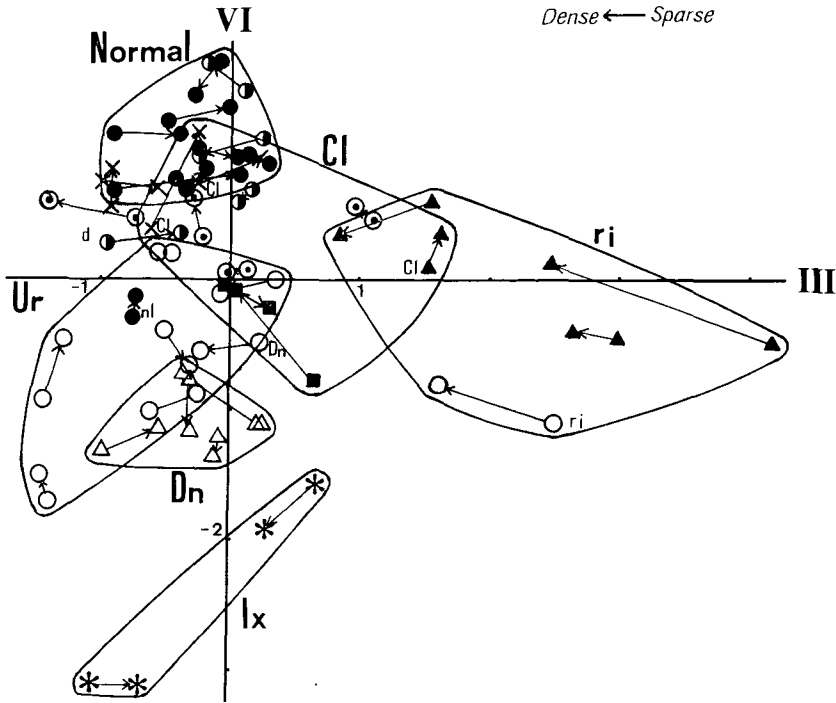


Fig. 7. Scatter diagram of 42 strains in 3rd and 6th components calculated on the data in both sparse and dense plantings. (Symbols are the same as in Fig. 3.)

発現の特徴は相互に区別することが可能であった。ここで、それぞれの主働遺伝子作用を総括すると、*Ur*、*Dn*、*lx* および *sp* の4種の主働遺伝子は穂を構成する長さや数の形質に対して著しく強い作用を有し、他方、*Cl* と *ri* は穂の構成形質の一部や枝梗の配置に作用して穂の形(shape)に関与すると結論される。*Ur* 群の中には *ri*、*d<sub>1</sub>*、*d<sub>2</sub>* および *nl* を併せ持つ系統が含まれ、*Dn* 群の中にも *d<sub>10</sub>*、*nl* を、*lx* 群や *sp* 群の中にも *nl* や *Cl* をそれぞれ有する系統が含まれていたが、これらの4群は第IIおよび第V因子スコアによって相互に群別できた。従って、これらの穂を構成する数や長さの形質に対して強い作用を有する4種の主働遺伝子の作用は、矮性もしくは *nl* といった主働遺伝子や *Cl* および *ri* のような穂の形に関与する遺伝子の作用が加わっても損われないと云える。*Ur* と *Dn* を併せ持つ H-232 は、スコア分布上、*Ur* 群と *Dn* 群の中間に位置し、両遺伝子間の作用には上位や下位性は認められなかった。このように、*Ur* などの4種の遺伝子のうちの2種の遺伝子を組み合わせ合わせた場合における2遺伝子間の相互作用を検討することも興味深い。この問題については、それぞれの主働遺伝子を有す

る系統間の交雑 F<sub>2</sub> 集団を用いて、あらためて検討する予定である。他方、*Cl* 群と *ri* 群には、これらの2遺伝子を併せ持つ系統や *sp* または *Ur* を有する系統も含まれていたが、それぞれ第III、第VIならびに第II因子のスコアを用いて他群から群別できたので、これらの穂の形に関与する主働遺伝子の作用は他の主働遺伝子との共存によって妨げられないと云える。

第I、第IVおよび第VII因子は、主として茎葉部の草型に係わる因子であったが、これらを用いただけでは各群を群別できなかった。従って、穂型に関する主働遺伝子が草型に及ぼす作用効果は穂型に対する主効果に比べて小さく、これらの因子には、むしろ、矮性遺伝子や草型に関与する微働遺伝子の効果が表現されていると考えられる。

疎植と密植の2水準の栽植密度条件に対する形質変動を調べたところ、ほとんどの系統において、1穂穎花数と実穂長が減少した。1穂穎花数は、栽植密度を密にするに伴って減少することが知られている<sup>7)</sup>。また、和田ら<sup>16)</sup>は、幼穂形成期のちっ素吸収量が穎花や2次枝梗の分化および退化の最大要因であると報告しており、密植

による1穂穎花数や穂長の減少は、主に、幼穂形成期のちっ素吸収の競合が原因であると考えられる。長尾ら<sup>11)</sup>が指摘するように、*Ur*を有すると、通常栽培においても多数の穎花や2次枝梗の退化がみられる。密植条件においてその退化が更に進んだ結果、*Ur*系統の栽植密度反応が他群の系統より大きくなったと考えられる。1穂穎花数の著しく少ない*lx*系統や*sp*系統では、*Ur*系統とは反対に、1穂穎花数の栽植密度反応が小さかった。また、1穂穎花数の構成形質のうちで、第VI因子として表わされる1次枝梗着生穎花数だけは一定方向への栽植密度反応がみられず、第II因子と関係の深い2次枝梗数や2次枝梗着生穎花数などの形質とは反応が異なった。他方、実穂長や1,2次枝梗長が短縮される*Dn*系統では、実穂長の密植による減少度合が正常群の系統より大きかった。ところが、短縮作用の更に顕著な*sp*系統では、*Dn*系統とは逆に、密植によって実穂長が増加した。*Dn*系統と*sp*系統の間での栽植密度反応の相異は、長さの形質における短縮作用の要因が*Dn*と*sp*で異なるためと考えられる。その他、*ri*による1次枝梗の輸合作用は、密植条件によって弱められた。しかし、栽植密度の影響は穂型の群別を損う程大きくなく、疎植単独でも疎植と密植の両条件を一括して解析した場合でも同様に群別できた。従って、穂型に關与する主働遺伝子による形質表現の特徴は、栽植密度のような栽培環境の変化に対して安定していると結論される。

### 摘 要

稲の穂型には、*Ur* (枝梗彎曲)、*Dn* (密穂)、*lx* (疎穂)、*sp* (短穂)、*Cl* (穎花叢生) および *ri* (輸生枝梗) などの主働遺伝子が關与することが知られている。これら6種の主働遺伝子が穂形質ならびに植物体各形質に及ぼす作用を総合的に評価して、穂型を群別することを試みた。供試材料としては、6種の主働遺伝子の何れかを有する25系統、4種の關与遺伝子未知の密穂系統、4種の矮性系統、*nl*系統ならびに正常型として一般品種8系統の合計42系統を用いた。穂形質や莖葉部形質の総合的な評価のためには主成分分析法を用い、さらに、基準化バリマックス法による直交回転を行い、回転後の因子によって穂型の群別を試みた。なお、栽植密度条件には、疎植(30.2 cm × 14.5 cm)と密植(30.2 cm × 4.8 cm)の2水準を設けた。

疎植区における解析では、1穂穎花数、1,2次枝梗数などと相関の高い穂を構成する数の形質の因子(第II因子)と穂長、1次枝梗長などと相関の高い穂を構成する

長さの形質の因子(第V因子)のスコアを用い、*Ur*、*Dn*、*lx* および *sp* の4種の系統群ならびに正常群とを相互に群別した。さらに、1次枝梗輸生度と相関の高い第III因子を用いて *ri* 群を、1次枝梗着生穎花数を表わす第VI因子と第II因子の組み合わせによって *Cl* 群をそれぞれ他群から群別できた。また、栽植密度2水準を一括して解析しても、その群別は変らなかつた。

以上の結果に基づき、6種の穂型に關与する主働遺伝子による形質表現の特徴は相互に明確に区別され、さらに、栽植密度の変化に対してもそれらの群別は安定していることが明らかとなった。

### 引用文献

1. FUTSUHARA, Y., KONDO, H., KITANO, H. and MII, M.: Genetical studies on dense and lax panicles in rice. I. Character expression and mode of inheritance of lax panicle rice, *Japan. J. Breed.*, **29**: 151-158. 1979
2. FUTSUHARA, Y., KONDO, H. and KITANO, H.: Genetical studies on dense and lax panicles in rice. II. Character expression and mode of inheritance of dense panicle rice, *Japan. J. Breed.*, **29**: 239-247. 1979
3. 岩田伸夫・木村 武: 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, 九大農芸雑誌, **25**: 137-153. 1971
4. JODON, N. E.: A linkage in rice between clustered spikelets and awned, *Proc. La. Acad. Sci.*, **10**: 32-34. 1947
5. 上島脩志: 矮性稲の特性と分類. II. 矮性稲の穂長、節間長についての主成分分析とその品種分類上の意義, 育種, **24**: 261-268. 1974
6. 木下俊郎・菊地治巳・高橋萬右衛門: 密穂形成に係わる遺伝子の形質表現. 稲の交雑に關する研究 第LXIX報, 北大農附屬農場報告, **21**: 6-17. 1979
7. 近藤頼己: 水稻に於ける栽植密度の増加に就て, 農業及園芸, **19**: 667-674. 1944
8. 宮浦邦晃・津田周弥・細川定治: てん菜品種における生理学的、形態学的諸特性に關する統計学的解析. 一品種分類への主成分分析適用に關する基礎的研究一, 北大農邦文紀, **8**: 277-288. 1973
9. 盛永俊太郎・永松土巳: 稲における連鎖の研究 (予報), 遺種, **18**: 197-200. 1942
10. MORISHIMA, H. and OKA, H.: Analysis of genetic variations in plant type of rice. III. Variations in general size and allometric pattern among mutant lines, *Japan. J. Genet.*, **43**:

181-189. 1968

11. 長尾正人・高橋萬右衛門・木下俊郎：稲の交雑に関する研究 第XXIII報。稲の‘風連坊主’型穂型の遺伝について，北大農邦文紀，3：38-47. 1958
12. NAGAO, S. and TAKAHASHI, M.: Trial construction of twelve linkage groups in Japanese rice. —Genetical studies on rice plant, XXVII —, *J. Fac. Agr. Hokkaido Univ.*, 53: 72-130. 1963
13. 長尾正人・高橋萬右衛門・森村克美：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，北大農邦文紀，5：89-96. 1964
14. 芝 祐順：因子分析法，p. 191-316. 東京大学出版会 1972
15. 高橋萬右衛門・武田和義：節間長比の型による水稻品種の群別。稲の交雑に関する研究 第XXXVII報，北大農邦文紀，7：32-43. 1969
16. 和田源七・松島省三・松崎昭夫：水稻収量成立原理とその応用に関する作物学的研究。第86報 穎花数の成立におよぼす窒素の影響，日作紀：417-432. 1968

### Summary

It is known that the gene for undulate rachis, *Ur* and the gene for dense panicle, *Dn* exert their pleiotropic effects on the various characteristics of panicle and plant body (KINOSHITA *et al.* 1979). In this report, the authors intended to classify panicle types caused by the six kinds of major genes applying the principal component analysis.

The genotypes and the nature of the materials are listed in Table 1. They were grown in the paddy field with two types of spacings, namely, sparse (30.2 cm × 14.5 cm) and dense (30.2 cm × 4.8 cm) plantings. Principal component analysis was used for the 29 kinds of panicle and plant body characters in sparse planting. Furthermore the orthogonal rotation by normal varimax method was

applied for the transfer to so-called “simple structure” by using the 7 kinds of principal components which showed comparatively large eigen values. Four factors showed relation to panicle type and three factors were concerning to plant type. The IInd factor was considered as the factor of numbers in panicle. It is highly correlated to number of spikelets, number of primary branches, number of secondary branches, number of spikelets per secondary branch, percentage of spikelets on secondary branches, branch index and length of secondary branch. On the other hand, the Vth factor was considered as the factor of length in panicle correlated to panicle length, substantial panicle length, length of primary branch, 1st internode length, 1st leaf sheath length and 1st leaf blade length.

By using the scores in IInd and Vth factors, five groups such as *Ur-*, *Dn-*, *lx-*, *sp-* and normal were classified without overlapping variation. In addition, *ri-* group was classified by using the IIIrd factor concerning to verticillate index of primary branch. The use of IInd and VIth factors regarding number of spikelets per primary branch was effective for the classification of *Cl-* group from the other six groups. Thus *Ur-*, *Dn-*, *lx-*, *sp-*, *Cl-*, *ri-* and normal-groups were classified by the use of the four factors concerning to panicle type.

The similar analysis was also performed by using combined data in both dense and sparse plantings, and the orthogonal rotation was attempted. Although the scores of the each factor were modified by plant density, the classification of seven groups was not affected.

Further, the action of six kinds of major genes responsible for panicle type were not affected by dwarf or other major genes, and the classification were stable for the change of cultivating condition such as plant density.