



Title	異色穎に関する遺伝子の地理的分布 : 稲の交雑に関する研究、第L X X VII報
Author(s)	前川, 雅彦; MAEKAWA, Masahiko; 木下, 俊郎 他
Citation	北海道大学農学部農場研究報告, 22, 20-28
Issue Date	1981-03-20
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/13365
Type	departmental bulletin paper
File Information	22_p20-28.pdf



黒色穎に関する遺伝子の地理的分布

——稲の交雑に関する研究, 第LXXVII報*——

前川雅彦・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)

緒 論

イネ (*Oryza sativa* L.) の成熟穎が黒変化する遺伝形質は, CHAO²⁾ によってはじめて遺伝子分析の対象とされた。その後, 多数の研究者による報告があり^{1,7,8,9,10,12,16)}, 本形質に対して1対,^{1,9)} 2対^{2,9,10)}あるいは3対^{12,16)}の優性補足遺伝子の関係する場合が知られ, その中の1対はフェノール反応遺伝子の $Ph^9)$ であると考えられている。さらに長尾・高橋¹²⁾は, 日本型とインド型との交雑 F_1 にしばしば黒色穎の生ずることを認め, 補足遺伝子が日本型とインド型に分れて存在することを見出した。栗山ら⁹⁾は, 黒色穎に関する2種の遺伝子の1つは Ph で, その地理的分布は日本型とインド型で偏りのあることを報告した。一方, 木下ら⁷⁾も黒色穎の3種の補足遺伝子のうち, Ph 以外の Bh_1 と Bh_2 がそれぞれインド型と日本型に分れて存在することを確認した。補足遺伝子の1つである Ph については, その地理的分布がすでに明らかになっている^{4,5,19)}が, 他の2遺伝子, Bh_1 と Bh_2 に関しては, 交雑 F_1 における表現型や遺伝解析によって, はじめて遺伝子型の推定が可能となるため, 多くの品種を対象としてのその解明はあまりなされていない。黒色穎の補足遺伝子が日本型とインド型に分れて存在するとはいうものの, それらの遺伝子型が如何なる地理的分布を示しているかについては, まだ詳らかでない。

本研究では, 黒色穎に関する遺伝子分析を行ない, その結果 明らかとなった特定の遺伝子型系統

を検定親に用いて, 世界各国より収集した系統について黒色穎に関する遺伝子型を能率よく推定する方法を考案した。また, 実際にこの方法を適用して, 約150系統について遺伝子型を判定した。因に Bh_1 と Bh_2 の各遺伝子に関する地理的偏在性は, イネ品種の分化とも関連を有すると考えられるので, 生殖的隔離機構に関する遺伝子との関連などをも含めて考慮するならば, 今後のイネにおける生態型の分化の研究にも資する所が大きいと考えられる。

実験材料および方法

遺伝子分析に供した材料は Table 1 に示す11系統である。日本型とインド型系統の交配は, 温室と短日処理を利用して, 開花期を互いに調節することによって可能であり, そのほとんどを北海道大学農学部において実施した。 F_1 と F_2 は一部弘前大学農学部附属金木農場に, 他は北海道大学農学部附属世代短縮温室やビニールハウス内で栽培された。遺伝子分析では, 検定系統との交雑の F_1 や F_2 の表現型を調べ, その関与遺伝子について推定した。

粳や玄米のフェノール反応性は, それらを2%のフェノール水溶液に24時間浸漬した後, 乾燥させ, 黒変するか否かにより判定した。

実験結果

1) 遺伝子分析

長尾・高橋¹²⁾によれば, 黒色穎は3種の遺伝子

*北海道大学農学部育種学教室および附属農場育種部業績

Table 1 List of the strains used in the experiment

Strain	Name	Hull color	Phenol reaction	Origin
A- 1	Akage	Non-black	-	Hokkaido
A- 32	Furen bozu	do	-	do
A- 58	Kokushoku-to 2	do	+	do
A-133	Nohrin 9 go	do	-	do
A-133 MS	Cytoplasmic male sterile line of A-133	do	-	
A-136 MS	Cytoplasmic male sterile line of A-136,"Shiokari"	do	-	
H- 21	Multiple marker	do	-	
H-406	do	do	-	
H-478	do	Black	+	
H-479	do	Non-black	+	
I - 32	Karalath	do	+	India
I -100	Chinmen-Tuomen-hongmi	do	+	China
I -102	Fully purple	do	+	India

($Rb_1Rb_2Rb_3$)の補足作用により表現される。したがって、3種の遺伝子を互いに組合せるならば、8種の遺伝子型が期待され、 F_2 では1因子分離(3:1)、2因子分離(9:7)あるいは3因子分離(27:37)のいずれかが生じてよい。本研究

ではまず、9種の交雑組合せについて F_2 と B_1F_1 世代における黒色穎の分離を調査した(Table 2)。 F_2 における黒色:非黒色の分離は、H-21×I-102の場合を除き、3因子分離(27:37)に適合したが、H-21×I-102 F_2 では、27:37なる分離比に

Table 2 Segregation of black hull in B_1F_1 and F_2 populations

Cross combination	Genotype	Hull color		Phenol react.			Total	Ratio	Goodness of fit	
		Black	Non-black	+	-	χ^2			P	
A-133 MS × '70-277 F_1^* (+ Bh_2 +) ($Bh_1Bh_2Bh_3$ /+++)	Obs.	11	9	18	27	38	1:1:2	0.32	0.75-0.50	
A-136 MS × '70-277 F_1 (Bh_1 +) ($Bh_1Bh_2Bh_3$ /+++)	Obs.	23	47	84	131	154	1:1:2	8.75	0.025-0.01	
H-478 × H-406 ($Bh_1Bh_2Bh_3$) (++++)	Obs.	154	187			341	27:37	1.24	0.25-0.10	
I - 32 × A-133 (Bh_1 + Bh_3) (+ Bh_2 +) (Bh_1 + Bh_3)	Obs.	70	48	54	102	172	27:21:16	4.17	0.25-0.10	
H-479 × A-133 (Bh_1 + Bh_3) (+ Bh_2 +) (Bh_1 + Bh_3)	Obs.	111	114	70	184	295	27:21:16	4.70	0.10-0.05	
I - 100 × A- 1 (Bh_1 + Bh_3) (+ Bh_2 +) (Bh_1 + Bh_3)	Obs.	97	65	76	141	238	27:21:16	6.89	0.05-0.025	
I - 102 × A- 32 (Bh_1 + Bh_3) (+ Bh_2 +) (Bh_1 + Bh_3)	Obs.	71	103			174	27:37	0.14	0.90-0.75	
H- 21 × I -102 (+ Bh_1 +) (Bh_1 + Bh_3)	Obs.	70	145			215	27:37	8.17	0.025-0.001	
A- 58 × H-479 (+ Bh_2Bh_3) (Bh_1 + Bh_3)	Obs.	90	65			155	9:7	0.21	0.75-0.50	

* '70-277 (H-478×H-406), **Number of non-black hull plants, 1) Bh_3 (=Ph).

対する適合度が不良で、非黒色が過少となった。しかし3因子が関与する分離型に近いと考えてよい。また、H-479×A-133のF₂では、黒色穎について3因子分離を生じたが、A-58とH-479の交雑によるF₂では9:7の2因子分離型となった。これはA-133とA-58の遺伝子型が異なるため、後者は*Bh*₃を保有し、かつH-479も*Bh*₃を保有するために3因子のうちの2因子のみが分離を生じたわけである。同様に2因子型の分離がH-478(黒色穎)×H-406(非黒色穎)のF₁をA-133MSとA-136MSにそれぞれ戻し交雑した場合にも生じ、A-133は黒色穎に関する優性遺伝子の1つを保有し、一方、A-136MSは他の1つ、すなわち*Bh*₁を保有することが知られた。H-21×I-102やA-136MS×'70-277F₁の各分離においてやや歪みを生じたが、これが環境条件によるのか、あるいは遠縁交雑にまつわる他の遺伝的原因によるものかは今後の研究にまたねばならない。

成熟穎の黒変する機構は、いまだ明らかではないが、フェノール化合物がフェノール酸化酵素によって酸化されて黒色となるという考え方もある。^{9,16)} 本実験において、黒色穎を分離する交雑組合せでは、すべて親系統の一方あるいは両方に*Ph*を有し、F₂やB₁F₁では*Ph*に関する黒色素がフェノール化合物の酸化したものか否かの化学的な同定はない。オムギでは黒色穎の色素はメラニン様物質と考えられており¹⁷⁾、著者らもむしろ同様な物質により黒色穎が発現するものとする。ただ、3因子分離を生じたF₂ではすべて非黒色穎中に*Ph*:+の分離を生じており、両者を組合せると、黒色穎:非黒色穎・フェノール+:非黒色穎・フェノール-は27:21:16なる比に適合し、B₁F₁では1:1:2の分離比に適合した。なお、2因子分離を示したA-58×H-479においては両親は共にフェノール反応+で*Ph*に関する分離はみられなかった。以上の如く、黒色穎に関する3個の優性補足遺伝子のうちの1つは*Ph*であるので、*Bh*₃と*Ph*は同一遺伝子の可能性が高い。しかし形質表現上から*Ph*自身が黒色素発現に直接的に関与することは断定できないので、色素発現の化学的過程を調べる必要がある。ここでは遺伝的な

結果を尊重し、*Bh*₃(=*Ph*)といった表記法をとることとする。H-479×A-133とA-58×H-479において黒色穎の分離様式が異なっていて、A-58とA-133の遺伝子型が異なることは前述の如くであるが、A-133×A-58F₁が非黒色穎となることを実際に確かめたので、A-58、A-133の遺伝子型には、それぞれ+*Bh*₂*Bh*₃+と*Bh*₂+を与え、H-479には*Bh*₁+*Bh*₃なる遺伝子型を与えた。また、I-32×A-133の交雑から、I-32は*Bh*₁+*Bh*₃なる遺伝子型を有すると判定できた。これらの系統はいずれもF₁から遺伝子型を解明するために用いる検定系統として役立った。

2) 黒色穎遺伝子型の検定法

多数の日印間交雑組合せを作り、F₁における穎色を調べたところ、*Bh*₁は外国稲に、また*Bh*₂は日本稲品種に多いことが明らかとなった。*Ph*を有するか否かは、フェノール反応から検証できるが、他の2因子、*Bh*₁と*Bh*₂については交雑実験を行ってF₁の表現型から判定せねばならない。そこで、Table 3に示す如き検定方法を案出し、+*Bh*₂*Bh*₃と*Bh*₁+*Bh*₃なる2種の遺伝子型系統を検定親に用いて、これらとの交雑F₁が黒色穎となるか否かによって供試品種の遺伝子型を推定した。すなわち、いま+*Bh*₂*Bh*₃なる遺伝子型を有するA系統、*Bh*₁+*Bh*₃なる遺伝子型を有するB系統を用い、遺伝子型が未知の系統と交配する。2種のF_{1A}とF_{1B}

Table 3 Identification of the genotypes on black hull coloration

Test crosses;

A: Unknown genotype × A-tester → F_{1A}

(+*Bh*₂*Bh*₃)

B: Unknown genotype × B-tester → F_{1B}

(*Bh*₁+*Bh*₃)

Genotypes expected from the hull

coloration in F₁ plants

Hull color		Estimated genotype
F _{1A}	F _{1B}	
+	+	<i>Bh</i> ₁ <i>Bh</i> ₂ <i>Bh</i> ₃ or <i>Bh</i> ₁ <i>Bh</i> ₂ +
+	-	<i>Bh</i> ₁ + <i>Bh</i> ₃ or <i>Bh</i> ₁ ++
-	+	+ <i>Bh</i> ₂ <i>Bh</i> ₃ or + <i>Bh</i> ₂ +
-	-	++ <i>Bh</i> ₃ or +++

+; Black.

-; Non-black.

Table 4 Geographical distribution of the eight genotypes on black hull coloration

	Genotype	District	No. of strains
I	$Bh_1 Bh_2 Bh_3$	U. S. A.	1
		India	6
		U. S. A.	1
		India	1
II	$Bh_1 Bh_2 +$	Iran	1
		China	1
		Korea	1
		Japan	1
III	$Bh_1 + Bh_3$	India	12
		Ceylon	1
		Indonesia	1
		Java	1
		Philippine	1
		Taiwan	10
		China	12
		Korea	1
		Japan	2
		U. S. A.	4
		Italy	2
		Iran	1
IV	$Bh_1 + +$	U. S. S. R.	3
		Nepal	1
		India	13
		Ceylon	1
		Indo-China	1
		Thailand	1
		Indonesia	1
		Java	1
		Taiwan	4
		China	1
V	$+ Bh_2 Bh_3$	Korea	1
		F. A. O.	1
VI	$+ Bh_2 +$	Japan	1
		Japan	45
VII	$+ + Bh_3$		0
VIII	$+ + +$	Japan	5

の顔色が黒 (+) か否 (-) により 4 種の組合せが期待され、いずれをとるかにより供試系統の遺伝子型を推定した。さらに、フェノール反応により $Ph (=Bh_3)$ の有無を決定した。前節の遺伝子分析により A 系統には A-58, B 系統には I-32 を用いることとした。

3) Bh_1 と Bh_2 の地理的分布

北海道大学農学部作物育種学教室で保有する 145 系統について、黒色顔に関する遺伝子型を推定した。いま国別に分けて各遺伝子型の頻度分布

Table 5 List of the varieties representing eight genotypes

Line	Name	Source
<u>I $Bh_1 Bh_2 Bh_3$</u>		
L- 20	Jodon's tester(7954)	U. S. A.
I - 44	Bhutmuri-36	India
I - 46	Chinsurah Boro I	do
I - 77	Pankhiraj(aman)	do
I - 87	Bhutmuri(boro)	do
I - 89	Tepa I(boro)	do
I -106	IRRI tester	do
<u>II $Bh_1 Bh_2 +$</u>		
L- 14	Jodon's tester(7946)	U. S. A.
E- 25	Arpa chally	India
I - 56	Aurinaldola	Iran
E- 56	701(Mongol)	China
I - 3	Katte-so	Korea
A-103	Tanjiro	Japan
<u>III $Bh_1 + Bh_3$</u>		
E- 34	Modan	India
I - 32	Karalath	do
I - 35	Modan	do
I - 36	CH-2	do
I - 37	CH-47	do
I - 39	CH-1039	do
I - 41	RDR 7	do
I - 72	Blue stick(aman)	do
I - 88	Assam III(boro)	do
I -102	IRRI tester	do
I -124	do	do
I -125	do	do
I - 48	Boro 8-GS-555	Ceylon
I - 95	Montja mongge	Indonesia
I - 54	Poeloet waso	Java
IR- 8		Philippine
E- 41	Pappaku	Taiwan
I - 15	Tankyakukara	do
I - 16	Usen	do
I - 18	Rokujuunichi-ki	do
I - 19	Souto	do
I - 20	Kinso	do
I - 21	Fukushuu daiso	do
I - 23	Sekkanen	do
I - 25	Konansen	do
I -110	Taichung native I	do
E- 16	Suihakujo	China
E- 48	Rokujuunichi-kiso	do
I - 6	Suihakujo	do
I - 7	Sanbyakubou	do
I - 8	Daishukoku(mochi)	do
I - 12	Toufutsusai	do
I - 13	Rokujuuichi-kiso	do
I - 14	Koumai	do
I - 90	Fei-lai-fan	do
I - 91	Hongno	do
I - 92	Wi-no-tao	do
I -100	Chinmen-Tuomen-hongmi	do
HO-639	Koketsumochi	Korea
I - 65	Gaisenmochi	Japan
H-479	Linkage tester(Hokudai)	do
<u>IV $Bh_1 + +$</u>		
L- 2	Jodon's tester (7932)	U. S. A.
L- 16	do (7949)	do
L- 25	do (7960)	do
L- 34	do (7975)	do

Line	Name	Source	Line	Name	Source
I - 60	Riso vialone	Italy	H- 45	do	do
I - 61	Bologona	do	H- 60	do	do
I - 55	Ambar bau	Iran	H- 61	do	do
I - 57	Kaeu N-1272	U. S. S. R.	H- 69	do	do
I - 58	Kaeu N-1273	do	H- 75	do	do
I - 59	Kaeu N-575-a	do	H- 79	do	do
I - 31	Col. No. 840-1	Nepal	H- 84	do	do
I - 33	Surjamukhi	India	H-103	do	do
I - 34	Mushakdanti	do	H-121	do	do
I - 38	AS 20-1	do	H-126	do	do
I - 42	246-Palaman	do	H-127	do	do
I - 43	Bengalo	do	H-138	do	do
I - 45	Charnock	do	H-143	do	do
I - 47	Dalashaita	do	H-149	do	do
I - 67	Dular	do	H-150	do	do
I - 68	Pusur	do	H-154	do	do
I - 70	Marich-bati	do	H-465	do	do
I - 71	Slender dwarf	do	No. 81-b	do	do
I - 73	Daudkhani	do			
I -129	Chinsurah Boro II	do			
I - 49	S-13	Ceylon	VIII + + +		
I - 29	Nep Vai	Indo-China	A- 77	Murasaki-ine	Japan
I - 30	Thailander (glutinous)	Thailand	A- 83	Nohrin 20 go	do
I - 96	Para	Indonesia	A-134	Yukara	do
I - 52	Boeloe Pote	Java	N- 11	Linkage tester(Hokudai)	do
I - 22	Shouhakubai	Taiwan	N- 50	do	do
I - 24	Konansou	do			
I - 93	Pahzumatahal	do			
I -128	Taichung 65 go	do			
I - 10	Kurokara mochi	China			
I - 4	Mitsutari	Korea			
A-136	Shiokari	Japan			
H- 59	Linkage tester(Hokudai)	do			
H-460	do (do)	do			
I - 66	Biolone nano	Italy			
V + $Bh_2 Bh_3$					
A- 58	Kokushokuto-2	Japan			
VI + $Bh_2 +$					
I - 9	Yakei mochi	China			
A- 1	Akage	Japan			
A- 2	Akaine	do			
A- 5	Akamuro	do			
A- 13	Chabo	do			
A- 18	Chogoeito	do			
A- 28	Ebisumochi	do			
A- 31	Fukoku	do			
A- 32	Furenbozu	do			
A- 43	Hokkaimochi-1 go	do			
A- 96	Shimadamochi	do			
A-107	Tokachikuromomi	do			
A-133	Nohrin 9 go	do			
N- 1	Linkage tester(Hokudai)	do			
N- 5	do (do)	do			
N- 13	do (do)	do			
N- 14	do (do)	do			
N- 44	do (do)	do			
N- 45	do (do)	do			
N- 48	do (do)	do			
N- 59	do (do)	do			
N- 65	Hosetsu A	do			
N- 66	Portugese	do			
N- 71	Linkage tester(Hokudai)	do			
H- 9	do (do)	do			
H- 20	do (do)	do			
H- 21	do (do)	do			
H- 25	do (do)	do			

を示すと Table 4.5 の如くである。黒色類型はインドに 6, アメリカに 1 系統認められ, Bh_1 と Bh_2 を共有する系統は日本にも 1 系統存在した。 $Bh_1 + Bh_2$ または $Bh_1 + +$ の系統はインド型に多く, 日本には 5 系統存在した。一方, $+ Bh_2 Bh_3$ と $+ Bh_2 +$ は日本にのみ認められ, 外国では韓国に 1 系統だけあった。 $+ + Bh_3$ なる系統はどこにも見出されず, $+ + +$ なる遺伝子型は日本に 5 系統あった。アメリカ地域, インド・ネパール・セイロン地域, 東南アジア地域, 台湾・中国・韓国地域と日本地域の 4 地域に加えて, イラン・ソ連等をその他の地域に含めた計 5 地域別に各遺伝子型の頻度分布を図示したのが Fig. 1 である。 Bh_1 と Bh_2 の各々について, 日本地域とそれ以外の地域の間には明確な地理的偏在性が認められ, Ph もこれまでの結果と同じく,^{4,5,15)} インド型に多いことが認められた。 Bh_1 と Bh_2 の分布はインドから中国にかけては Bh_1 が多く, Bh_2 も僅かに存在する。日本では Bh_2 が多いものの, Bh_1 を含む遺伝子型も存在した。また, 日本には $+ + +$ の系統も認められた。その他, 台湾・中国・韓国地域では $Bh_1 + Bh_3$ が $Bh_1 + +$ よりも高頻度で見出された。

考 察

黒色穎の遺伝に関する既知の結果を集約するならば Table 6 の如く、2 因子と 3 因子型の分離が多い。また、単因子型は、インド型同士の交雑で 2 例得られている。この 2 例共に、一方の親には黒色穎を用いており、Table 7 に示される 1) × 2) または 1) × 3) の交雑組合せによって生じ得る。インド型では Bh_1 や Ph なる遺伝子型を有する系統が多く、 Bh_2 だけについての分離を生ずる可能性は十分に考えられる。

黒色穎発現について栗山ら⁹⁾はフェノール反応に関する遺伝子である Ph を必要とすると述べたが、本実験でも、2 因子型と 3 因子型の分離においては Ph の分離も同時に生じていた。しかし、黒色穎の発現に Ph が直接に作用するのか、または Ph と Bh_3 の座位がきわめて近接するために組換え型を生ぜずに完全連鎖を示したのかについては明らかでない。オオムギにおける黒色穎の色素はメラニン様物質によると考えられている¹⁷⁾。イネも同様な色素によって着色している可能性が高い。その場合に、 Ph を必要するという遺伝子仮説の妥当性を色素発現についての化学反応から検証した結果はまだ見当らない。そこでここでは黒色穎の遺伝子型を単に $Bh_1 Bh_2 Bh_3 (=Ph)$ と表記する。

Ph の地理的偏在性はこれまでかなり詳細に調べられている^{4,5,15)}。しかし Bh_1 と Bh_2 については、長尾ら¹²⁾ および木下ら⁷⁾ が日本型とインド型の各々に遺伝子が分れて存在することを報告しているのみで、遺伝子型別に地理的分布まで検討し

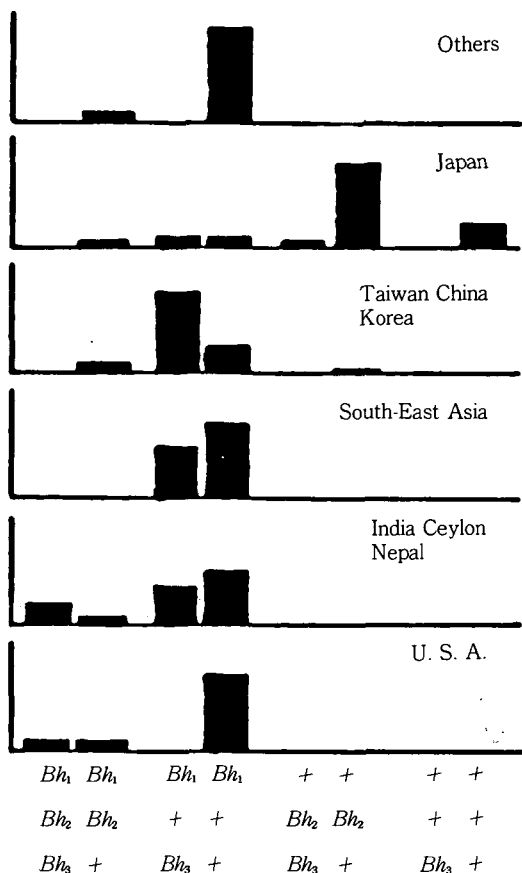


Fig. 1 Geographical distribution of the eight genotypes on black hull coloration ; Five districts and others which contain Iran, U. S. S. R. and Italy.

Table 6 Summarized data on segregation ratio for black hull coloration

Genes for black hull coloration	Segregation ratio for black hull coloration in F ₂ population	Literature
$H_1 H_2$	9 : 7	CHAO (1928)
$B_1 B_2$	9 : 7 3 : 1	MITRA <i>et al.</i> (1937)
Single gene	3 : 1	KUANG <i>et al.</i> (1946)
$Rb_1 Rb_2 Rb_3$	27 : 37 9 : 7	NAGAO <i>et al.</i> (1954)
$Ph Bh$	9 : 7	KURIYAMA <i>et al.</i> (1967)
$Ph_1 Ph_2 Po$	27 : 37	RAO <i>et al.</i> (1973)
$Bh_1 Bh_2 Bh_3 (=Ph)$	27 : 37 9 : 7	Authors (1980)

Table 7 Segregation ratio on black hull coloration expected in F_2 population of the crosses between the representative genotypes

Genotype	Genotype				
	1) $Bh_1 Bh_2 Bh_3$	$Bh_1 Bh_2 +'$	$+ Bh_2 Bh_3$	$Bh_1 + +$ $+ Bh_2 +$	$+ + Bh_3$
2) $Bh_1 Bh_2 +$	3 : 1*	—	9 : 7	—	27 : 37
3) $Bh_1 + Bh_3$ $+ Bh_2 Bh_3$	3 : 1	9 : 7	9 : 7	27 : 37	—
4) $Bh_1 + +$ $+ Bh_2 +$	9 : 7	—	27 : 37	—	—
5) $+ + Bh_3$	9 : 7	27 : 37	—	—	—
6) $+ + +$	27 : 37	—	—	—	—

*Black hull : Non-black hull.

た報告は見当たらない。まず、黒色穎に関する遺伝子型を F_1 から推定する方法を案出したが、それは大量の系統を扱うことを可能にした。すなわち あらかじめ F_2 と戻し交雑によって検定親系統の遺伝子型を確定し、それらに含まれる補足遺伝子の作用性を利用して F_1 の穎色から遺伝子型を推定したのである。かかる交雑における適当な遺伝子型として $+ Bh_2 Bh_3 (= Ph)$ と $Bh_1 + Bh_3 (= Ph)$ の2種を選び 前者には A-58、後者には I-32 やその他の数種のインド型系統を使用した。A-58 の有する花青素系穎色の分布遺伝子、 Pr が時々黒色穎の判定を困難にする場合もあったが、稈毛の着色の有無や花青素着色の退色反応により正確な判定を可能にせしめた。かかる F_1 利用の検定法により 145 種の系統について遺伝子型を推定した結果、 Bh_1 はインド、東南アジアや中国に広く分布し、 Bh_2 は日本に多く認められた。地域別には Fig. 1 の如き地理的偏在性を明らかにした。

イネの系統分化や遺伝子分化を取扱う上で、生殖的隔離機構はきわめて重要であるが、 Bh_1 や Bh_2 は一見適応性とはあまり関連のない形質と考えられる。ただ黒色穎に関する遺伝子、 Bh_1 、 Bh_2 、 Bh_3 が共存した黒色穎は、栽培稲として好まれないであろう。しかし、他の形質はすべて正常型を示すから それによって人為的な選抜がなされたとは考えられない。現実に Bh_1 と Bh_2 がきわめて明瞭な地理的偏在性を示し、かかる例は、本形質とよく似た花青素着色に関与する C, A, P 座の各複対

立遺伝子でみられ^{6,11)} Ph (フェノール反応遺伝子)^{4,5,15)} やエステラーゼ等の同位酵素遺伝子^{3,13,14)} にもかかる地理的分化が認められている。生殖的隔離機構と関連のない遺伝子の分化が栽培稲の分化に如何なる係わりがあったかは、今後、供試系統数を増加させ、系統の来歴を調べることなどから解明をすすめて行く予定である。

摘 要

1) 黒色穎に関して遺伝子分析を行ない、正常型×正常型または黒色穎型×正常型の交雑で、その F_1 が黒色穎となり、 F_2 では黒色穎：正常(非黒色)穎が 27 : 37 となる 3 因子分離や 9 : 7 の 2 因子分離となる事実を認めた。

2) F_2 で 3 因子分離を示した H-478×H-406 を A-133 MS あるいは A-136 MS にそれぞれ戻し交雑したところ、A-133 MS× F_1 では黒色：正常=1 : 3 なる 2 因子型の分離となり、A-136 MS× F_1 についてもそれに近い分離型を得た。これは A-133 MS や A-136 MS がそれぞれ優性の 1 遺伝子を有していたためであった。

3) またフェノール反応により Ph の有無を調べたところ、黒色穎・フェノール+型：非黒色穎・フェノール+型：非黒色穎・フェノール型は 27 : 21 : 16 なる分離比を生じた。 Ph そのものが黒色発現に関与するか否かは明らかでないが、黒色がメラニン様色素による可能性も高いので遺伝的には $Bh_3 = Ph$ とみなしてよい。今後、黒色穎の形質

発現過程を調べた上で Bh_3 と Ph の完全連鎖か、または Ph そのものが関与するかを明らかにするが、今の所 黒色穎の遺伝子型を $Bh_1 Bh_2 Bh_3 (= Ph)$ の如く表記する。

4) $+Bh_2 Bh_3$ なる遺伝子型を有する A-58 と $Bh_1 + Bh_3$ なる遺伝子型を有する I-32 をセットにし、これらを共に検定系統として用い、遺伝子型の不明な系統と交配して 2 種の文配組合せの F_1 個体における穎色から親の遺伝子型を推定する方法を組立てた。

5) こうして世界各地から集めた系統を対象に、黒色穎に関する遺伝子型を調べたところ、インド、東南アジアや中国の系統では Bh_1 を有するものが多く、 Bh_2 は僅かな系統にしか含まれていなかった。一方、日本稲は Bh_2 を有するか、または Bh_1 と Bh_2 のいずれも欠くものが多く、日本稲と外国稲では、 Bh_1 と Bh_2 に関し明瞭な地理的偏在性を認めた。

引用文献

1. CHANG, T. T. and JODON, N. E. : Monitoring of gene symbols in rice, *Internatl. Rice Comm. Newslet.*, **12** : 18-29, 1963.
2. CHAO, L. F. : Linkage studies in rice, *Genet.*, **13** : 133-169, 1928.
3. 陳 進利・片山 平 : 栽培イネにおける酸性フォスファターゼザイモグラムの地理的分布 (予報), 育雑, **22**, 別冊, **1** : 17-18, 1972.
4. 飯塚 清・中川原捷洋・林 健一・宮崎尚時・川上潤一郎 : 栽培イネにおけるフェノール着色反応および糯・稈性形質の地理的分布, 育雑, **27**, 別冊, **2** : 262-263, 1977.
5. 石川文雄・片山 平 : 栽培イネにおける石炭酸着色遺伝子 Ph の地理的分布, 育雑, **26**, 別冊, **2** : 101-102, 1976.
6. 木下俊郎 : 日本型, インド型間における連鎖群の異同, 育種学最近の進歩, 第 **17** 集, 19-34, 1976.
7. 木下俊郎・高橋萬右衛門 : イネの黒色穎についての比較遺伝子分析, 育雑, **26**, 別冊, **1** : 106-107, 1976.
8. KUANG, H. H., TU, D. S. and CHANG, Y. H. : Linkage studies of awn in cultivated rice (*Oryza sativa* L.), *J. Genet.*, **47** : 249-259, 1946.
9. 栗山英雄・工藤政明 : 稲の成熟穎黒色を支配する補足遺伝子 Ph および Bh とそれらの地理的分布, 育雑, **17** : 13-18, 1967.
10. MITRA, S. K. I. A. S. and GANGULI, P. M. : Inheritance of inner glume colour in rice. *Ind. J. Agr. Sci.*, **7** : 126-133, 1937.
11. 森 宏一・木下俊郎・高橋萬右衛門 : 印度稲 *Surjamukhi* に見られる稈先の花青素着色形質の遺伝子分析, 稲の交雑に関する研究, 第 LII 報, 北大農邦文紀要, **8** (3) : 267-276, 1972.
12. 長尾正人・高橋萬右衛門 : 稲の交雑に関する研究, 第 XVI 報, 穎の黄褐色系着色に干渉する遺伝子について, 育雑, **4** : 25-30, 1954.
13. 中川原捷洋 : 遺伝子の地理的分布からみた栽培イネの分化, 育種学最近の進歩, 第 **17** 集, 35-44, 1976.
14. 中川原捷洋 : 秋浜友也 : エステラーゼ・アインザイムによる東アジアにおけるイネ在来種の変異と地理的分布, 育雑, **22**, 別冊, **1** : 79-80, 1972.
15. 岡 彦一 : 稲品種間の各種形質の変異とその組合せ, 栽培稲の系統発生的分化, 第 **1** 報, 育雑, **3** : 33-43, 1953.
16. RAO, C. H. and SEETHARAMAN, R. : Genetic studies in pericarp and hull color in rice, *Ind. J. Genet. Plant Breed.*, **33** : 319-323, 1973.
17. WOODWARD, R. W. : Inheritance of a melaninlike pigment in the glumes and caryopses of barley, *J. Agr. Res.*, **63** : 21-28, 1941.

Geographical Distribution of the Genes for Black Hull Coloration — Genetical studies on rice plant, LXXVII —

Masahiko MAEKAWA, Toshiro KINOSHITA and Man-emon TAKAHASHI

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

Summary

Black hull coloration is a genetic character which is expressed in the inner and outer glumes at the ripening stage of caryopsis. From the previous publications and knowledge, it is known that this character is expressed by complementary genes which exist in *Japonica* and *Indica* groups separately.

In this report, the authors examined the mode of inheritance using the crosses between *Japonica* and *Indica* strains. In F_2 and B_1F_1 populations, most of the crosses indicated digenic or trigenic segregations. These results support the genic hypothesis that the black hull coloration is governed by the complementary action of three dominant genes. In addition, the plants showing black hull coloration indicated a positive reaction when dipped in a 2% phenol solution. Assuming that the gene for phenol reaction, *Ph*, inserts its direct effect on the coloration of the black hull, then the segregation ratios of 27 : 21 : 16 or 1 : 1 : 2 for black hull, phenol positive : non-black hull, phenol positive : non-black hull, phenol negative are expected in F_2 or B_1F_1 generations. Segregations in two kinds of crosses fitted with these theoretical ratios. Thus, the genotype of black hull plants was estimated as $Bh_1Bh_2Bh_3 (= Ph)$.

The tester strains possessing the genotypes, $+Bh_2Bh_3$ and Bh_1+Bh_3 were selected from the various tester strains which are maintained in the Plant Breeding Institute, Hokkaido University. They are represented by A-58 Kokushoku-to 2 ($+Bh_2Bh_3$) and I-32 Karalath (Bh_1+Bh_3), respectively. Using both strains, the genotypes on black hull coloration were determined by the phenotypes of F_1 plants in the crosses with the above mentioned testers as shown in Table 3. Through the identification of the genotypes of 145 strains which were collected from all over the world, it was found that a geographic inclination existed in the distribution of the genes, Bh_1 and Bh_2 , as well as *Ph* which was already investigated by various workers. Namely, Bh_1 existed predominantly in India, South-East Asia and China regions, while Bh_2 was observed commonly in Japan.