

オオムギの根の蛍光変異体に関する研究

武田和義・張 成林

Studies on Root Fluorescence Mutants in Barley

Kazuyoshi TAKEDA and Cheng Lin CHANG

Using 10,473 barley accessions and 16,480 gamma-ray treated lines, root fluorescence mutants which have been reported in other crops, such as soybean, were screened.

No spontaneous mutant was found, but an artificial mutant whose root tips emitted a pink glow under ultraviolet light was obtained by the gamma-ray irradiation. The mutant was controlled by a recessive gene named *frp* 'fluorescent reaction-pink'. It showed poor growth and was lethal. The transmission rate of the mutant gene was about 80% of that of the normal allele. Thus the segregation in the heterozygous populations was ca. 4 normal to 1 mutant. The *frp* gene is located close to *gl-3*, 'glossy leaf-3' on the 4H chromosome.

Key words: Barley, Mutation, Fluorescence, Linkage analysis

緒 言

一般に植物の種子根は紫外線によって青白い蛍光を発するが、この蛍光反応を欠く変異体があり、例えばダイズ (*Glycine max*) では蛍光反応を欠く5種類の変異遺伝子が見出されている (Fehr & Giese 1971, Delannay & Palmer 1982, Palmer *et al.* 1985, Sawada & Palmer 1987)。これらの5個の変異遺伝子のうち1個は優性 (Fr_3) であり、韓国のツルマメ (*Glycine soja*) に由来すると見られている (Delannay & Palmer 1982)。ツルマメはダイズの直接の祖先野生種とされ、共に染色体数は $2n=40$ で同一のゲノム構成 (GG) を持ち、ダイズとの交雑には全く問題がない。残りの4個 (fr_1 , fr_2 , fr_4 , fr_5) は劣性で、 fr_1 , fr_2 および fr_4 は自然突然変異と人為突然変異の両方が見出されているのに対して fr_5 は今のところ人為突然変異だけが知られている。また、 fr_1 は世界各地の品種で見出され、従って古い突然変異であると

考えられるのに対して f_2 はヨーロッパの品種だけ、 f_3 はアジアの品種だけに見出されるので、相対的に新しい突然変異である可能性が高いとされている (Sawada & Palmer 1987)。このように、根の蛍光変異体は遺伝分析(連鎖分析)や組織培養のマーカ (Roth *et al.* 1982) としてだけでなく、系統進化を解析するためのマーカとしても利用できる。

そこで、オオムギにおいて根の蛍光変異体を見出し、マーカとして活用することを目指して多数の品種と人為突然変異系統を調査した結果、紫外線によって根端がピンクに発色する人為突然変異体を見出してその遺伝性を解析したので報告する。

突然変異系統の育成に御協力下さり、また、蛍光反応の調査の一部をお手伝いいただいた帯広畜産大学の沢田壮兵教授ならびに元岡山大学大学院生柴田雅人氏に御礼申し上げます。

材料および方法

1. 品種変異

岡山大学資源生物科学研究所が保有するオオムギの栽培品種6,085, 野生種353系統, 突然変異系統375, 実験系統545, 複合交雑 (composite cross) 系統3,115, 合計10,473品種・系統, ならびに比較のためにコムギを1,140品種供試した。これらの品種の種子を10粒程度ずつ室温で発芽させ、種子根が10 mm 程度に伸びた発芽後2, 3日目に紫外線ランプ (米国 Spectronics 社製, Model B-100, 中心波長365 nm) を用いて暗室内で紫外線を照射し、根の蛍光反応を調査した。

2. 人為突然変異

オオムギ品種“ふじ二条”に3世代にわたって30 KR ずつ, 合計90 KR のガンマー線を照射した16,480系統を供試し, 前述の方法で根の蛍光反応を調査した。

この材料は初年目に約50,000粒 (2 kg) の種子に農水省の放射線育種場に依頼して30 KR のガンマー線を照射し, M_1 (照射第1代) を岡山大学農業生物研究所 (当時) のコムギ圃場の中に隔離して秋播栽培した。2年目に M_2 を周囲にオオムギの無い帯広畜産大学の圃場で春播栽培し, ホモ化した劣性の致死遺伝子を除き, ただちに放射線育種場で第2回目の照射を行って倉敷で M_3 (実際には2回照射した M_1) を秋播栽培した。3年目に帯広で春播栽培して M_4 を採種し, 第3回目の照射を行って M_5 (3回照射した M_1) を倉敷で秋播栽培した。4年目に M_6 を帯広で春播栽培して採種した M_7 をただちに倉敷で秋播栽培し, ランダムに約20,000穂を取った。5年目に倉敷でこれらの穂系統を秋播栽培し, 高不稔, アルビノ, 極端な生育不良などの系統を除いて6年目に約16,000系統の M_8 世代を得た。

オオムギの乾燥種子の LD_{50} は25 KR 程度といわれており, 90 KR はかなりの線量である。3世代にわたる変異の蓄積によって M_7 における葉緑素変異体の頻度は10%を越えており, この材料からは止葉の伸びない変異体 (金谷ら 1994) など, 従来にない変異体が得られている。

3. 遺伝分析

ふじ二条から得られた蛍光変異体は後述するように劣性致死遺伝子であるため, ヘテロで維持し, 1989年から1994年まで6世代にわたってヘテロ個体に稔った約27,000粒の種子における正常型と劣性ホモ型の分離を調査した。また, ホモおよびヘテロを含む正常型1,381個体

から各々約50粒を取って催芽させ、正常ホモ型とヘテロ型の分離を調査した。

後述するように、変異遺伝子の伝達率が低かったので、その原因が劣性ホモ型の種子の活力が低く、発芽が悪い事によるかどうかを確かめるために、種子を5ヵ月から31ヵ月まで室温で放置して加齢し、発芽率と変異体の分離比を調査した。もし、劣性ホモ型の種子の寿命が短いのであれば、発芽率の低いロットにおいて変異体の割合が低下するはずである。

次に変異遺伝子の伝達率が低い原因が変異遺伝子を含んだ花粉の稔性が低い事にあるかどうかを確かめるために、圃場とガラス室で栽培した正常ホモ個体とヘテロ個体各10~16個体、ならびに原品種ふじ二条3~5個体の花粉稔性を酢酸カーミン染色によって調査した。

さらに、変異遺伝子の伝達率の低い原因が配偶子の雌側にあるか雄側にあるかを確かめるために、ヘテロ個体を父本あるいは母本として正常の品種と交雑し、 F_1 個体に稔った F_2 種子を催芽して根の蛍光反応を調査し、 F_1 個体が正常ホモであったかヘテロであったかを判定し、その割合を調べた。もし、伝達率の低い原因が雌側にあれば変異体を母本にした交雑で、逆に雄側に問題があれば変異体を父本にした交雑でヘテロ型の F_1 個体が過少になるはずである。変異系統には個体別に番号をつけて後代検定し、ヘテロ型と確認された個体と交雑した F_1 種子だけを供試した。

4. 連鎖分析

変異遺伝子の座乗染色体ならびに染色体上の位置を明らかにするために、ヘテロ維持した蛍光変異体を11のリンケージテスター (Table 6) と交雑し、蛍光変異体遺伝子の連鎖分析を行った。ヘテロ維持している変異系統の遺伝子構成は正常ホモ個体が1/3、ヘテロ個体が2/3であるから、ヘテロ系統を交雑親とする場合にはヘテロ個体と交雑した F_1 の半分、すなわち交雑した F_1 の1/3にしか変異遺伝子が伝達されない。そこで、各組合せ10個体程度の F_1 を養成し、 F_2 種子を発芽させて蛍光反応を調査し、変異体を分離した集団を選んで連鎖分析を行った。

蛍光変異遺伝子は劣性致死であるため、正常個体だけを圃場に移植栽培してそれぞれの適期にマーカーの表現型を判定し、個体別に採種して各々50粒ずつ催芽し、根の蛍光反応を調査して正常ホモ型とヘテロ型に判別し、マーカーと蛍光変異遺伝子との連鎖分析を行った。

この結果、蛍光変異遺伝子が4H染色体に座乗することが示されたので、4Hのマルチプルマーカー系統であるOUL056 (*K*, *Bl*, *gl-3*) との組合せの供試個体数を増やして連鎖関係を確認した。

結果および考察

1. 変異体の検索

オオムギの既存の品種・系統10,473の種子根はいずれも紫外線によって青白い蛍光を發し、変異は全く認められなかった。参考のために供試したコムギ1,140品種においても同様であった。

ところが、ガンマー線を3世代にわたって合計90KR照射した“ふじ二条”の16,480系統の中からは、種子根が紫外線によってピンクに発色する変異体が3系統得られた。これらはいずれもヘテロで、青白色とピンクに発色する種子が分離していた (Fig. 1)。前述のように、この照射後代は M_1 から M_7 までバルク集団で維持されているので、これらの系統は独立



Fig. 1. Fluorescence mutant (pink) of barley root.



Fig. 2. Seedlings of the fluorescence mutant (weak) and normal plants.

の三つの突然変異というよりは、一つの突然変異に由来する姉妹系統の可能性が高い。

この蛍光変異体をポットに移植し、ガラス室で丁寧に養成したが、いずれの変異個体も生育が極端に貧弱で出穂せずに枯死し、自殖種子を得ることはできなかった (Fig. 2)。そこで、この変異体は後代検定をしながらヘテロ個体から採種を続けて維持することにした。

2. 変異体の遺伝

ヘテロ個体に稔った合計27,018粒における正常型 (AA と Aa) と変異型 (aa) の分離比をみると21,612 : 5,406で、3 : 1の期待分離比20,263.5 : 6,754.5からの偏差は $\chi^2=358.96$ と

Table 1. Segregation for root fluorescence in plants derived from heterozygous plants and frequency of the recessive gene (q)

No. of plants			χ^2 (3:1)	q
Normal	Pink	Total		
21,612	5,406	27,018	358.96***	0.447

*** : Significant at the 0.1% level.

極めて大きく、劣性ホモ型が過少であった (Table 1).

ここで優性遺伝子 (A) の頻度を p, 劣性遺伝子 (a) の頻度を q, (p+q=1) とおくと、Table 1 の個体分離比 (p²+2pq) : q²=21,612 : 5,406 から q=0.447 となり、a の相対的な伝達率 (q/p) は 0.81 であった。

劣性ホモ型が過少となる原因としては、この変異遺伝子が致死性である事からも、劣性ホモ型の種子の寿命が短く、これが変異遺伝子の伝達率を引き下げている可能性が考えられる。そこで、ヘテロ個体から採種した種子を 5 ヶ月から 31 ヶ月にわたって室内に放置して加齢し、発芽率の低下に伴って劣性ホモ型の割合が変化するかどうかを調査した結果を Table 2 に示す。

Table 2. Transmission rate of the fluorescence gene in relation to seed viability

Age of seeds (month)	No. of seeds				Germ.(%)	q
	Normal	Pink	Ungerm.	Total		
5	4,738	1,257	51	6,046	99.2	0.458
6	10,921	2,576	536	14,033	96.2	0.437
7	2,724	742	151	3,617	95.8	0.463
19	1,971	500	389	2,860	86.4	0.455
31	1,258	331	1,609	3,198	49.7	0.456

Note: q=frequency of the recessive gene.

加齢に伴って種子の発芽率は 99.2% から 49.7% まで低下したが、変異遺伝子の割合 (q) は発芽率とは無関係に 0.45 前後でほぼ一定であり、この変異遺伝子の伝達率が低く見える原因は変異遺伝子をホモに持つ種子の寿命が短いためではないことが明らかにされた。

次に正常型 1,381 個体から採種した種子を催芽し、紫外線を照射して正常ホモ型とヘテロ型に判別した結果を Table 3 に示す。供試した 1,381 個体は正常ホモ型 525 とヘテロ型 856 に分離した。劣性ホモ型は前述のように致死となり、採種できない。変異が劣性 1 遺伝子 (a) に支配されると仮定した正常ホモ型 1 : ヘテロ型 2 の期待分離比 460.33 : 920.67 からの偏差は $\chi^2=13.63$ と大きく、ヘテロ型が過少であった。優性遺伝子の頻度を p, 劣性遺伝子の頻度を q, (p+q=1) とおくと、Table 3 に示される系統分離比 p² : 2pq=525 : 856 から q=0.449 となり、a と A の相対伝達率 (q/p) は 0.82 と Table 1 で得られた値 (0.81) と極く近似していた。

ヘテロ型の頻度が過少となる原因の一つとして、劣性遺伝子を持つ花粉の稔性が低い可能

Table 3. Segregation for root fluorescence in lines derived from heterozygous plants and frequency of the recessive gene (q)

No. of lines			$\chi^2(1:2)$	q
AA	Aa	Total		
525	856	1,381	13.63***	0.449

Note: aa lines are lethal.

***: Significant at the 0.1% level.

Table 4. Pollen fertility (%) of the normal (AA), heterozygous (Aa) and Fuji Nijo plants grown in the field and in the greenhouse

	AA	Aa	Fuji Nijo
Field	95.3 (12)	93.8 (16)	93.0 (5)
Greenhouse	96.9 (10)	95.8 (12)	94.5 (3)

Note: Pollens were stained with acetocarmine. Numerals in the parentheses indicate the number of plants examined.

性が考えられる。そこで、後代検定をして正常ホモとヘテロと確認した個体、ならびに原品種(正常ホモ)の花粉を酢酸カーミンで染色し、健全花粉の割合を調べた結果を Table 4 に示す。健全花粉の割合はいずれも93%以上あり、酢酸カーミンによる染色に関する限り、ヘテロ型個体の花粉に異常は認められなかった。また、変異体の種子稔性は正常で、雌性配偶子の稔性も正常とみられた。

次に、変異遺伝子の伝達率が低い原因が配偶子の雌側にあるか雄側にあるかを確かめるために、変異遺伝子をヘテロに持つ個体を父本あるいは母本として正常の品種との間で交雑したF₁のホモ、ヘテロ検定をした結果を Table 5 に示す。この交雑は劣性遺伝子に関する戻交雑の形になるので、F₁個体の遺伝子型は通常(p=q=0.5)の場合は正常ホモ(AA)とヘテロ(Aa)が1:1となるが、雌性配偶子に問題があれば変異体を母本とした場合、雄性配偶子に問題があれば変異体を父本とした場合に変異遺伝子を持つヘテロ型が過少になるはずである。

Table 5. Genotypes of F₁'s derived from reciprocal crosses between plants heterozygous for root fluorescence (Aa) and normal plants (AA)

Cross	No. of F ₁ 's			$\chi^2(1:1)$	q
	AA	Aa	Total		
Aa×AA	81	86	167	0.15	0.515
AA×Aa	72	76	148	0.11	0.514

Note: q=recessive gene frequency

Table 5 に示される結果は予想に反して正常ホモとヘテロが1:1に分離し、qは約0.51で雌側も雄側も正常であるとみられた。多数の材料を供試して得られた Table 1 および Table 3 に示される結果が誤りである可能性は低いので、Table 5 では供試個体数が少なかったために抽出誤差によってqの値が大きくなったものと考えられる。いずれにしても変異体を母本とした場合と父本とした場合の変異遺伝子の伝達率は相互に等しいので、伝達率の低い原因が雌あるいは雄の一方だけにあるのではないことは確かであろう。

このように、ふじ二条にガンマー線を照射することによって誘発された蛍光変異体は致死性の劣性1遺伝子に支配され、その変異遺伝子の相対的な伝達率は0.8程度であった。この遺

伝子を *frp* (fluorescent reaction pink) と名づける。

なお、現在まで数千個体の *frp* 変異体を養成したが、いずれも生育が極めて劣悪となるので、*frp* 自身が生育を抑制しているのであって *frp* の近傍に生育弱勢の遺伝子が連鎖しているのではないとみられる。

3. 変異遺伝子の連鎖分析

frp の座乗染色体ならびに位置を明らかにするために、Table 6 に示す11のリンケージテスターと *frp* のヘテロ個体を交雑し、蛍光変異体を分離した F₂ 集団の正常個体を圃場に移植栽培し、適期にマーカーを判定して個体別に採種し、催芽した根の蛍光反応を調査して *frp* の遺伝子型を判定した結果を Table 7 に示す。

前述のように *frp* は致死遺伝子で、劣性ホモ型は生存しないから通常の方法では組換えの計算ができない。Iwata & Omura (1978) は劣性致死のアルビノ遺伝子との連鎖価の計算方法を示しているなのでその適用を試みたが、前述のように *frp* の伝達率が低いために分離が歪み、さらに *frp* との連鎖に引きずられて *frp* と連鎖したマーカーの伝達率も低下するためにマーカーの分離が歪み、連鎖価の算出はうまく行かなかった。そこでマーカーに関しては劣性ホモ型とそれ以外、*frp* に関しては正常ホモ型とヘテロ型の各々2群に分類し、独立性のカイ二乗検定を行い、連鎖があるかどうか、すなわち独立性が棄却されるかどうかを検定した。

その結果、4 H に座乗する *K* (三叉芒)、*gl-3* (ワックスレス-3) および *Bl* (青粒) との間で独立性が棄却され、*frp* が4 H に座乗することが示された。OUL131 との交雑において3 H に座乗する *uz* (渦矮性) との間で独立性が棄却されたのは *frp* ヘテロで渦ホモの型が過少になったことによる一種の誤差とみられ、3 H の他の2つのマーカー、*als* (穂下部の側列花欠) および *al* (アルビノ穎) とは独立であった。また、4 H 以外のマーカーとはすべて独

Table 6. Testers used for the linkage analysis

Acc. No.	Marker genes
OUL004	<i>br, n, V</i>
OUL017	<i>e, li</i>
OUL019	<i>V, e, li</i>
OUL053	<i>V, o, s</i>
OUL056	<i>V, K, gl-3, Bl</i>
OUL085	<i>mt-4, li, e, Bl</i>
OUL094	<i>n, B, trd, s</i>
OUL109	<i>n, V, B, fs-2, trd</i>
OUL115	<i>B, s, fs</i>
OUL116	<i>V, Bl, s, fs</i>
OUL131	<i>V, als, uz, al</i>

<i>s</i> : Short-haired rachilla	<i>Bl</i> : Blue aleurone
<i>n</i> : Naked caryopsis	<i>mt-4</i> : Mottled leaf-4
<i>br</i> : Brachytic plant	<i>B</i> : Black lemma and pericarp
<i>V</i> : Two-rowed	<i>trd</i> : Third outer glume
<i>li</i> : Ligule-less	<i>als</i> : Absent lower laterals
<i>e</i> : Wide outer glume	<i>uz</i> : Uzu or semi-brachytic growth
<i>o</i> : Orange lemma	<i>gl-3</i> : Glossy seedling-3
<i>al</i> : Albino lemma	<i>fs</i> : Fragile stem
<i>K</i> : Hooded lemma	<i>fs-2</i> : Fragile stem-2

Table 7. Test of independence for *frp* (A) with 18 marker genes (B) in F₂ populations

Cross	Marker	Chrom.	<i>AAB-</i>	<i>AaB-</i>	<i>AAbb</i>	<i>Aabb</i>	Total	$\chi^2(\text{ind.})$
frp×L094	<i>B</i>	1H	167	274	56	66	563	2.58
frp×L094	<i>trd</i>	"	169	253	54	87	563	0.14
frp×L109	<i>B</i>	"	121	215	42	83	461	0.23
frp×L109	<i>fs-2</i>	"	136	227	27	71	461	3.32
frp×L109	<i>trd</i>	"	12	237	36	61	461	0.17
frp×L115	<i>B</i>	"	26	47	11	24	108	0.18
frp×L004	<i>V</i>	2H	99	152	37	46	334	0.68
frp×L017	<i>e</i>	"	107	195	24	62	388	0.69
frp×L017	<i>li</i>	"	91	200	40	57	388	3.23
frp×L019	<i>V</i>	"	80	132	33	62	307	0.25
frp×L019	<i>e</i>	"	82	136	31	58	307	0.21
frp×L019	<i>li</i>	"	87	150	26	44	307	0.00
frp×L053	<i>V</i>	"	46	69	7	23	145	2.85
frp×L056	<i>V</i>	"	93	173	27	57	350	0.23
frp×L085	<i>mt-4</i>	"	97	175	35	64	371	0.00
frp×L085	<i>li</i>	"	101	187	31	52	371	0.15
frp×L085	<i>e</i>	"	97	192	35	47	371	2.32
frp×L109	<i>V</i>	"	113	214	50	84	461	0.32
frp×L116	<i>V</i>	"	99	194	39	64	396	0.56
frp×L131	<i>V</i>	"	78	114	23	41	256	0.44
frp×L131	<i>als</i>	3H	80	125	21	30	256	0.08
frp×L131	<i>uz</i>	"	71	130	30	25	256	6.68**
frp×L131	<i>al</i>	"	77	128	24	27	256	1.54
frp×L056	<i>K</i>	4H	110	188	10	42	350	6.14*
frp×L056	<i>gl-3</i>	"	32	215	88	15	350	169.49***
frp×L056	<i>Bl</i>	"	115	205	5	25	350	4.52*
frp×L058	<i>Bl</i>	"	129	216	3	23	371	7.05**
frp×L116	<i>Bl</i>	"	134	227	4	31	396	9.28**
frp×L053	<i>s</i>	5H	44	75	9	17	145	0.05
frp×L094	<i>s</i>	"	170	272	53	68	563	1.13
frp×L115	<i>s</i>	"	28	59	9	12	108	0.86
frp×L115	<i>fs</i>	"	33	62	4	9	108	0.08
frp×L116	<i>s</i>	"	123	223	15	35	396	0.59
frp×L116	<i>fs</i>	"	133	242	5	16	396	1.19
frp×L053	<i>o</i>	6H	45	77	8	15	145	0.04
frp×L004	<i>bra</i>	7H	104	142	32	56	334	0.94
frp×L004	<i>n</i>	"	105	160	31	38	334	0.64
frp×L094	<i>n</i>	"	175	256	48	84	563	0.76
frp×L109	<i>n</i>	"	126	230	37	68	461	0.00

*,** and *** : Significant at the 5%, 1% and 0.1% levels, respectively.

立であった。

このように *frp* は 4 H に座乗するとみられたので、4 H のマルチプルマーカー系統 OUL056 との交雑 F₂ の個体数を 1,830 に増やし、連鎖関係を確認した (Table 8)。結果は Table 7 と良く一致しており、 χ^2 値の大きさからみて *frp* は *gl-3* の近傍にあるものとみられる。Takahashi et al (1972) は *K-24.4%-gl-3-13.6%-Bl* の連鎖関係を見出しているため、*frp* は *gl-3* の *K* 側か *Bl* 側に数パーセントの組換え価で連鎖しているものと推定される。

Table 8. Test of independence for *frp* (A) with markers (B) on chromosome 4H in an F₂ population of *frp* × L056

A : B	AAB	AaB	AAbb	Aabb	Total	χ^2 (ind.)
<i>frp</i> : <i>K</i>	616	915	71	228	1,830	29.01***
<i>frp</i> : <i>gl-3</i>	188	1,035	499	108	1,830	772.82***
<i>frp</i> : <i>Bl</i>	666	1,001	21	142	1,830	46.40***

*** : Significant at the 0.1% level.

なお、*frp* の伝達率が低い原因としては *frp* 自身の伝達率が何らかの理由で低い場合の他に、遺伝子の伝達率に関係する配偶体遺伝子 (gametophytic gene, *ga*) が当該遺伝子の近傍に連鎖していて伝達率を引き下げることがある。この点を確認するために Table 8 に示されるヘテロ型 1,143 系統のうち、系統内の供試個体数が 40 以上あった 810 系統について *frp* の分離比を調べた。系統内個体数が少ないと分離比の信頼性が低い。

伝達率が正常 ($p=q=0.5$) の場合はヘテロ系統における劣性ホモ個体の分離比は 25% (q^2) を中心とした確率分布を示すことが期待されるが、OUL056 との交雑では平均 16.5% ($q=0.406$) で 15~20% に最頻値を持つ単頂的な分布を示した。もし、配偶体遺伝子が *frp* と連鎖して伝達率を引き下げているのであれば、多数の F₃ 系統の中には *frp* と配偶体遺伝子の組換え型が現れて、伝達率の高い系統群が現れるはずである。しかし、組換え型とみられる伝達率の高い系統群は見出されなかった。従って、配偶体遺伝子は存在せず、*frp* 自身の伝達率が低いか、もし配偶体遺伝子が存在するならば組換え型が現れないほど *frp* と密接に連鎖しているものと考えられる。

このように、例えばダイズでは多数の変異遺伝子が知られている蛍光反応欠失型変異体がオオムギでもコムギでも見出されなかった事はマメ科とイネ科の比較遺伝学的見地からも興味深い。今回、大量の突然変異処理系統を用いて根端が紫外線によってピンクに発色する *frp* が得られたが、この遺伝子は致死遺伝子であるため、過去にこの自然突然変異が起きたとしても維持されなかったことが理解される。*frp* の生産する蛍光物質が何であるか、致死性のメカニズム、遺伝子の伝達率が低い理由など、多くの興味ある研究課題が提示された。

摘 要

オオムギ 10,473 品種およびコムギ 1,140 品種を供試して根の蛍光変異体を検索したが、変異体を見出すことはできなかった。

オオムギ品種ふじ二条にガンマー線を3世代にわたって90 KR 照射した M₈ 世代16,480 系統の中から根端が紫外線によってピンクに発色する変異体が3系統得られた。これらは同一の突然変異に由来する姉妹系統の可能性が高い。

この蛍光変異体は劣性1遺伝子 *frp* (fluorecent reaction pink) に支配される。*frp* は4H染色体の *gl-3* の近傍に座乗し、その伝達率は正常型の対立遺伝子に比べて0.8程度と低い。*frp* は致死遺伝子であるがヘテロ維持が可能である。

キーワード：オオムギ, 突然変異, 蛍光反応, 連鎖分析

引用文献

- Delannay, X. and R. G. Palmer. 1982. Four genes controlling root fluorescence in soybean. *Crop Sci.* 22 : 278-281.
- Fehr, W. R. and J. H. Giese. 1971. Genetic control of root fluorescence in soybeans. *Crop Sci.* 11 : 771.
- Iwata N. and T. Omura. 1978. Linkage studies in rice (*Oryza sativa* L.). Some albino genes and their linkage relations with marker genes. *Sci. Bull. Fac. Agr., Kyushu Univ.* 33(1) : 11-18.
- 金谷良市・呉 基日・武田和義. 1994. オオムギにおける上位葉短縮型変異体の形質表現と遺伝性. 岡大資生研報告 2(1) : 69-78.
- Palmer, R. G., J. D. Schilinger and T. Howson. 1985. Screening progeny of mutagen-treated soybean seeds for nonfluorescent root mutants. *Soybean Genet. Newsl.* 12 : 77-81.
- Roth, E. J., G. Weber and K. G. Lark. 1982. Use of isopropyl-N (3-chlorophenyl) carbamate (CIPC) to produce partial haploids from suspension culture of soybean (*Glycine max*). *Plant Cell Rep.* 1 : 205-208.
- Sawada S. and R. G. Palmer. 1987. Genetic analyses of nonfluorescent root mutants induced by mutagenesis in soybean. *Crop Sci.* 27 : 62-65.
- Takahashi R., J. Hayashi, T. Konishi and I. Moriya. 1972. Inheritance and linkage studies in barley V. Locating of seven new mutant genes. *Ber. Ohara Inst. Landw. Biol., Okayama Univ.* 15 : 147-168.