

Kreuzungsuntersuchungen an Reispflanzen.
II. Ueber die zweite (S-M-) Koppelungsgruppe mit
besonderer Berücksichtigung ihrer korrelativen
Beziehung zur Blütezeit.

(Vorläufige Mitteilung.)

Von

Yasuke Yamaguti.¹⁾

[Beendet am 15. Jan., 1927.]

In einem früheren Aufsatz (1926) ist auf Grund langjähriger Beobachtungen gefolgert worden, dass sich eine Korrelation zwischen der Blütezeit und der Endospermbeschaffenheit findet. Ob die genannte Korrelation zur genotypischen gehören sollte, blieb damals noch dahingestellt. Die Ergebnisse vom Jahre 1926 sind aber so ausgefallen, dass man hier eine genotypische Korrelation erwarten kann. Wenn auch die Ergebnisse aus F_2 -Generation in bezug auf die Blütezeit noch einer gründlichen Nachkommen-Prüfung bedürfen, bevor man sie als feststehend betrachten kann, scheinen mir doch die mir augenblicklich vorliegenden Ergebnisse die Tatsache fast sicher gezeigt zu haben, dass irgendein Gen für die Blütezeit auch zur **S-M**-Koppelungsgruppe gehören muss. So halte ich mich für berechtigt, darüber vorläufig etwas mitzuteilen in der Hoffnung, dass für diese Frage wieder in naher Zukunft sichere Zahlenangaben gemacht werden können.

A. Die Koppelung zwischen den Genen S und M.

Die früheren Angaben über die Koppelung zwischen **S** und **M** waren meist nicht auf Grund der Ergebnisse aus besonders dazu planmässig durchgeführten Kreuzungen, sondern auf Grund der Befunde in verschiedenen Generationen der Kreuzungsprodukte zwischen den Ausgangspflanzen „*Karasumoti*“ und „*Sinriki*“ gemacht worden. Um einerseits über die damals gefundenen

1) Meinen Namen schreibe ich in Zukunft YAMAGUTI, statt YAMAGUCHI.

Schwankungen des Austauschwertes Klarheit zu gewinnen, und um andererseits durch etwa planmässige Herstellung der beiden Phasen der Koppelung eine eindeutige Entscheidung über das Vorhandensein der genannten Koppelungsgruppe herbeizuführen, sind inzwischen die verschiedenen Kreuzungen ausgeführt worden.

Die einzelnen Kreuzungen, deren Ergebnisse in der F_2 -Generation mir augenblicklich zur Verfügung stehen, waren wie folgt:

- a. Kreuzung I, bei welcher das spätblühende Phänotypus III,¹⁾ mit Dextrinendosperm als ♀ und das früher-blühende Phänotypus VII mit Stärkeendosperm als ♂ eingetreten ist.
- b. Kreuzung II, bei welcher das spätblühende Phänotypus III mit Dextrinendosperm als ♀ und das früher-blühende Phänotypus I mit Stärkeendosperm als ♂ eingetreten ist.
- c. Kreuzung III, bei welcher das spätblühende Phänotypus VII mit Dextrinendosperm als ♀ und das beinahe gleich blühende Phänotypus II mit Stärkeendosperm als ♂ eingetreten ist.

Die Ergebnisse in der F_2 -Generation sind aus den folgenden Tabellen zu ersehen.

1. Das Ergebniss aus Kreuzung I.

Tabelle 1.

Zygote:	SM	Sm	sM	sm	Summe
gefunden	134	61	60	0	255
erwartet ($r:s=1:12$)	127,8	63,4	63,4	0,4	255,0
Mittelfehler	$\pm 7,95$	$\pm 6,90$	$\pm 6,90$	$\pm 0,63$	

Wegen der fehlenden Repräsentation von Zygote **sm** kann man nicht die Formel HALDANE's für die Berechnung des Austauschwertes anwenden. Bis auf weiteres kann man aber das Gametenverhältnis $r:s=1:12$ als hier zutreffend annehmen, weil die vorliegende Zahlenreihe der gefundenen verschiedenen Zygoten ganz ähnlich wie ein Ausnahmefall in der früheren Mitteilung, wo das Gametenverhältnis $r:s=1:11,79$ war, gestaltet ist (vergl. YAMAGUCHI 1926, S. 74). Die Uebereinstimmung der gefundenen Zygotenreihe mit der zu berechnenden ist einleuchtend.

2. Das Ergebniss aus Kreuzung III.

(Tabelle 2, s. S. 321)

1) Dieser und danach folgende ähnliche Ausdrücke beziehen sich auf die Spelzenfarbe (vergl. YAMAGUCHI 1926, Tafel I).

Tabelle 2.

Zygote:	SM	Sm	sM	sm	Summe
gefunden	244	17	45	47	353
erwartet ($r:s=3,86:1$)	237,21	29,45	29,45	56,89	353,00
Mittelfehler	$\pm 8,82$	$\pm 5,19$	$\pm 5,19$	$\pm 6,91$	

Nach der Formel HALDANE's berechnet man wie folgt:

Austauschwert $= 20,56\%$.

Gametenverhältnis $r:s = 3,8638:1$.

Die gesuchte Zygotenreihe ist, ausgerechnet nach dem gefundenen Gametenverhältnis, in der Tabelle angegeben.

3. Das Ergebniss aus Kreuzung II.

Tabelle 3.

Zygote:	BM	Bm	bM	bm	Summe
gefunden	415	88	123	30	656
erwartet ($9:3:3:1$)	369,00	123,00	123,00	41,00	656,00
Mittelfehler	$\pm 12,71$	$\pm 9,99$	$\pm 9,99$	$\pm 6,11$	

Hier ist das Gen **S** homozygotisch bei beiden Ausgangspflanzen vorhanden, und deshalb trotz der verschiedenen Farb- und Endospermbeschaffenheit bei beiden Ausgangspflanzen keine Koppelung wahrnehmbar, da sich das Gen **B** zu dem **M** ganz unabhängig von einander in der Spaltung verhält.

Somit sind die beiden Koppelungsphasen durch absichtliche Kreuzungen erwartungsgemäss bewiesen. Das Wiederfinden derselben grossen Abweichung in dem Austauschwerte bei den vorliegenden Fällen, die sich auch bei den früheren zeigte, lässt uns aber zu der Vorstellung kommen, dass bei der in Rede stehenden Koppelung die Existenz der zwei ganz verschiedenen Grade des Austauschwertes, wenigstens bei unseren Versuchspflanzen, wahrgenommen werden muss, obwohl ich früher zu der Ansicht neigte, dass hier der Austauschwert ca. 21% zutreffend sein kann, weil derselbe mit nur geringer Ausnahme bei fast allen Fällen gefunden wurde.

Wenn auch hier der Unterschied zwischen den beiden Austauschwerten wegen der kleinen Anzahl der beobachteten Individuen nicht ganz fehlerfrei erscheinen mag, kann man doch aus den folgenden Zusammenstellungen, wo sich jede Zahlenreihe aus den bisher beobachteten gesamten Individuen in der Repulsionsphase der Koppelung ergibt, leicht ersehen, dass der Unterschied zwischen den in Rede stehenden Austauschwerten ganz sicher sein kann.

a. Schwache Koppelung.

Tabelle 4.

Zygote:	SM	Sm	sM	sm	Summe
gefunden	1732	736	837	31	3336
erwartet ($r:s = 1:4,05$)	1702,20	800,54	800,54	32,72	3336,00
Mittelfehler	$\pm 28,93$	$\pm 24,66$	$\pm 24,66$	$\pm 5,69$	

Nach der Formel HALDANE's bekommt man wie gewöhnlich den Austauschwert $19,80 \pm 1,11\%$ und das Gametenverhältnis $r:s = 1:4,0505$.

b. Starke Koppelung.

Tabelle 5.

Zygote:	SM	Sm	sM	sm	Summe
gefunden	467	228	221	1	917
erwartet ($r:s = 1:13,7$)	459,58	228,19	228,19	1,06	917,00
Mittelfehler	$\pm 15,14$	$\pm 13,09$	$\pm 13,09$	$\pm 1,02$	

Auf Grund dieser Zahlen ergibt sich der Austauschwert $6,76 \pm 2,21\%$ und das Gametenverhältnis $r:s = 1:13,66$.

Also beträgt der Unterschied zwischen den beiden Austauschwerten $13,04 \pm 2,47\%$, was zeigt, dass es sich bei den in Frage stehenden beiden Austauschwerten ganz sicher nicht um die Abweichung desselben Koppelungsphänomens; sondern um ganz verschiedenen Werte handeln muss.

B. Die Koppelung zwischen dem einen Gen für die Blütezeit und dem Gen M.

Dass die Blütezeit bei verschiedenen Sorten von Reis durch mehrere Gene bedingt werden kann, ist bis heute von verschiedenen Autoren gefolgert bzw. konstatiert worden (HOSHINO 1915, IKENO 1916, MIYAZAWA 1916, NOMURA u. YAMAZAKI 1925). Bei den vorliegenden Ergebnissen bin ich noch nicht imstande, die Blütezeit der betreffenden Versuchspflanzen in ihrer genotypischen Konstitution zu bestimmen, bis mir nicht die Ergebnisse in den folgenden Generationen zur Verfügung stehen können. Hier kann sie nur als „früh“ bzw. „spät“ charakterisiert werden. Trotz dieser groben Einteilung der Blütezeit ist die besondere Beziehung zwischen der Blütezeit und der Endo-

spermbeschaffenheit augenscheinlich, wie man aus den folgenden Tabellen sehen kann.

1. Das Ergebniss aus Kreuzung I.

Tabelle 6.

Vegetationsdauer bis zum Aufblühen:	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	Summe
MM	2	1	2	10	2	12	7	12	6	4	1	1	60
Mm	1	.	.	.	6	4	17	27	28	19	11	10	4	2	.	.	1	.	130
mm	1	4	7	7	5	16	9	3	6	2	1	61
Summe	3	1	2	10	8	16	24	40	38	30	19	16	20	11	3	6	3	1	251

Die Korrelation zwischen den beiden Eigenschaften ist augenscheinlich. Wenn das eine der Gene für die Blütezeit, welches mit **M** in Koppelung steht, mit **F_x** bzw. **f_x** bezeichnet und so angenommen werden könnte, dass **F_x** für die frühere Blütezeit beinahe dominant über **f_x** für die spätere ist, so kann man vorläufig die vorliegenden Ergebnisse derart einteilen, dass die Blütezeit bis 119 Tage als „früh“ und die nach 120 Tagen als „spät“ bezeichnet werden könnte.

Tabelle 7.

Zygote:	MF_x	Mf_x	mF_x	mf_x	Summe
gefunden	172	18	19	42	251
erwartet ($r:s = 3,15:1$)	161,67	26,58	26,58	36,17	251,00
Mittelfehler	$\pm 7,58$	$\pm 4,87$	$\pm 4,87$	$\pm 5,56$	

Wenn man bei dieser Einteilung der betreffenden Zygote etwa den Massstab der Zuverlässigkeit anlegen könnte, obwohl der genaue Austauschwert erst nach der weitergehenden genetischen Analyse der Blütezeit festgestellt werden soll, so ergeben sich nach der Formel HALDANE's der Austauschwert 24,08% und das Gametenverhältnis $r:s = 3,1528:1$. Die Uebereinstimmung der beobachteten mit der theoretischen ist einleuchtend.

2. Das Ergebniss aus Kreuzung II.

(Tabelle 8, s. S. 324)

Bei diesem Fall ist auch die Korrelation zwischen den beiden Eigenschaften klar ersichtlich. Unter der ähnlichen Voraussetzung wie im vorigen Falle kann man das vorliegende Ergebniss in der Weise zusammenstellen, dass man

Tabelle 8.

Vegetationsdauer bis zum Aufblühen:	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	Summe
MM	3	10	18	60	23	35	13	11	2	2	1	178
Mm	.	4	8	19	44	67	81	71	33	21	6	4	1	.	.	.	359
mm	.	1	.	.	1	6	2	16	21	19	27	12	9	3	.	1	118
Summe	3	15	26	79	68	108	96	98	56	42	34	16	10	3	.	1	655

vorläufig hier die Blütezeit bis 117 Tage als „früh“ und die nach 118 Tagen als „spät“ annimmt.

Tabelle 9.

Zygote:	MF_x	Mf_x	mF_x	mf_x	Summe
gefunden	502	35	47	71	655
erwartet ($r:s = 5,55:1$)	445,06	46,19	46,19	117,56	655,00
Mittelfehler	$\pm 11,94$	$\pm 6,55$	$\pm 6,55$	$\pm 9,82$	

Die Berechnung des Austauschwertes ergibt 15,27%. Somit beträgt das Gametenverhältnis um 5,5487:1. Die Uebereinstimmung der beiden Zygotenreihen ist hier etwas ungenau, da sich bei den Zygoten der äusseren Seite eine grosse Abweichung von dem erwarteten Resultat zeigt.

Somit ist aber beinahe konstatiert, dass das eine Gen (**F_x**) für die Blütezeit mit **M** in genotypischer Korrelation stehen sollte. Im Gegensatz zu dieser Behauptung steht der folgende Fall, in welchem die Blütezeit der beiden Ausgangspflanzen beinahe gleich war.

3. Das Ergebniss aus Kreuzung III.

Tabelle 10.

Vegetationsdauer bis zum Aufblühen:	116	117	118	119	120	121	122	123	Summe
MM	.	5	12	44	38	10	5	3	117
Mm	1	11	34	42	46	23	10	4	171
mm	1	1	9	23	20	7	3	.	64
Summe	2	17	55	109	104	40	18	7	352

Bei diesem Falle ist fast keine Korrelation zwischen den in Rede stehenden Eigenschaften wahrscheinlich. Das mag darauf hindeuten, dass das Gen

für die Blütezeit bei beiden Ausgangspflanzen homozygotisch vorhanden war. Wenn man aber absichtlich die Blütezeit mit der Grenze von 120,5 Tagen zwei Teile zerlegen wollte, so bekommt man die folgende Zahlenreihe der betreffenden Zygoten:

Zygote:	MF_x	Mf_x	mF_x	mf_x
gefunden	233	55	54	10
erwartet (9 : 3 : 3 : 1)	198	66	66	22
Mittelfehler	± 9,31	± 7,32	± 7,32	± 4,54

Oder man könnte die Grenze von „früh“ und „spät“ bei 119,5 Tagen annehmen und die gefundenen Zahlen so einteilen, dass jede Gruppe der Blütezeit die Hälfte der Anzahl der gesamten Individuen umschliesst. Dann gestaltet sich die Einteilung der betreffenden Zygoten wie folgt:

Zygote:	MF_x	Mf_x	mF_x	mf_x
gefunden	149	139	34	30
erwartet (3 : 3 : 1 : 1)	132	132	44	44
Mittelfehler	± 9,08	± 9,08	± 6,20	± 6,20

Bei beiden Einteilungsweisen ist jedenfalls keine Koppelung wahrscheinlich. Somit liegt der Gedanke nahe, dass hier in bezug auf die Blütezeit das Gen **f_x** bei beiden Ausgangspflanzen homozygotisch vorhanden sein kann.

C. Die Koppelung zwischen dem Gen für die Blütezeit und dem Gen **S**.

Von den in den vorigen Abschnitten angegebenen Koppelungserscheinungen, sowohl zwischen **S** und **M** als auch zwischen dem Gen (**F_x**) für die Blütezeit und dem **M**, kann man auch mit Recht auf die Koppelung zwischen dem Gen (**F_x**) für die Blütezeit und dem **S** schliessen, wie ich es schon anderswo als sehr wahrscheinlich andeutete (YAMAGUCHI 1926). Aus den folgenden Tabellen ist ersichtlich, dass die dort voreilig ausgedrückte Folgerung fast sicher als Tatsache bewiesen worden sein mag.

1. Das Ergebniss aus Kreuzung I.

Tabelle 11.

Vegetationsdauer bis zum Aufblühen:	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	Summe
S	1	.	1	3	6	10	15	29	29	27	18	15	18	11	3	6	2	1	195
s	2	1	3	7	2	8	9	11	10	3	1	1	2	.	.	.	1	.	61
Summe	3	1	4	10	8	18	24	40	39	30	19	16	20	11	3	6	3	1	256

Die Korrelation mag schwach sein, jedenfalls ist sie aber in dieser Aufstellung wahrnehmbar. Wenn die Blütezeit, entsprechend der Einteilungsweise im vorigen Abschnitte, ganz willkürlich mit der Grenze von 119,5 Tagen in zwei Teile „früh“ bzw. „spät“ zerlegt werden kann, können die gefundenen Zygoten folgendermassen zusammengestellt werden.

Tabelle 12.

Zygote:	SF_x	Sf_x	sF_x	sf_x	Summe
gefunden	140	56	57	4	256
erwartet ($r:s = 1:3,04$)	131,93	60,07	60,07	3,93	256,00
Mittelfehler	$\pm 7,99$	$\pm 6,77$	$\pm 6,77$	$\pm 1,96$	

So ergibt sich nach der Formel HALDANE's der Austauschwert 24,20% und das Gametenverhältnis $r:s = 1:3,0371$.

Dass die vorliegende Verteilung der verschiedenen Phänotypen dem Linkage-Phänomen zwischen den betreffenden Genen zu verdanken sein müsste, kann auch durch das Fehlen einer nennenswerten Korrelation zwischen den in Rede stehenden Eigenschaften bei den folgenden zwei Fällen gestützt werden, wo irgendeines der betreffenden Gene homozygotisch bei den beiden Ausgangspflanzen vorhanden war. Und zwar wie folgt:

2. Das Ergebniss aus Kreuzung II.

Tabelle 13.

Vegetationsdauer bis zum Aufblühen:	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	Summe
BS	1	11	21	55	50	83	72	80	45	31	28	13	9	3	.	1	503
bs	2	4	5	25	18	25	24	18	11	11	6	3	1	.	.	.	153
Summe	3	15	26	80	68	108	96	98	56	42	34	16	10	3	.	1	656

Je nach der Einteilung der Blütezeit, ob man sie mit derselben Grenze von 117,5 Tagen wie in dem vorigen Abschnitte (s. S. 324), oder mit der Grenze von 116,5 Tagen gruppieren wollte, gestaltet sich die Zygotenreihe wie folgt:

Tabelle 14.

Zygote:	BF_x	Bf_x	bF_x	bf_x	Summe
gefunden { Grenze 117,5	418	85	132	21	656
„ 116,5	373	130	121	32	
erwartet ($9:3:3:1$)	369,00	123,00	123,00	41,00	656,00
Mittelfehler	$\pm 12,71$	$\pm 9,99$	$\pm 9,99$	$\pm 6,11$	

Dass die Abweichung der gefundenen von der theoretischen Zygotenreihe bloss der willkürlichen Einteilung der Blütezeit zu verdanken wäre, kann man leicht begreifen.

3. Das Ergebniss aus Kreuzung III.

Tabelle 15.

Vegetationsdauer bis zum Aufblühen:	116	117	118	119	120	121	122	123	Summe
S	2	16	37	76	78	32	13	7	261
s	.	1	19	33	26	8	5	.	92
Summe	2	17	56	109	104	40	18	7	353

Daraus bekommt man, wenn man als die Grenze der früheren und der späteren Blütezeit 119,5 Tage annimmt, die folgende Zygotenreihe:

Zygote:	SF_x	Sf_x	sF_x	sf_x
gefunden	131	130	53	39
erwartet (3 : 3 : 1 : 1)	132,0	132,0	44,0	44,0
Mittelfehler	± 9,08	± 9,08	± 6,20	± 6,20

Oder, mit der Grenze der betreffenden Blütezeit von 120,5 Tagen, bekommt man Folgendes:

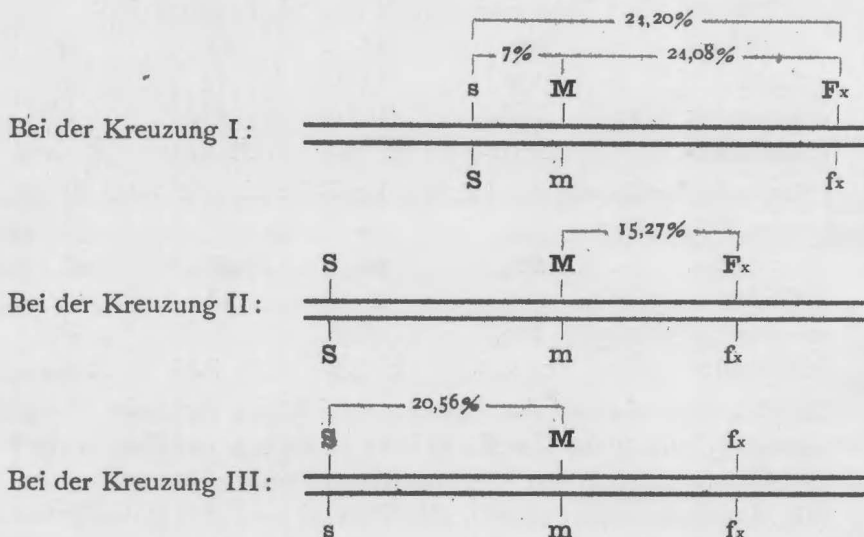
Zygote:	SF_x	Sf_x	sF_x	sf_x
gefunden	209	79	52	13
erwartet (9 : 3 : 3 : 1)	198,0	66,0	66,0	22,0
Mittelfehler	± 9,31	± 7,32	± 7,32	± 4,54

Offenbar findet sich bei den letzteren zwei Fällen fast keine Koppelung, eben weil beim Falle 2. das Gen **S** und bei dem Falle 3. das Gen für die Blütezeit (**f_x**) homozygotisch in den Ausgangspflanzen vorhanden war.

Die Annahme, dass zwischen der Blütezeit und den Farbeigenschaften eine genotypische Korrelation vorhanden sein soll, kann mit dem Ergebnisse bei HOSHINO nicht übereinstimmen, da ja HOSHINO hier keine Korrelation für wahrscheinlich hielt. Der Grund für diese verschiedenen Anschauungen bei HOSHINO und mir liegt meiner Ansicht nach darin, dass damals HOSHINO die Bedeutung des Gen **S** für die gefärbte Spelzenspitze nicht verstehen konnte, indem er bei der in Rede stehenden Untersuchung über die Korrelation zwischen der Blütezeit und den Farbeigenschaften die eine Sorte mit gefärbten Spelzenspitzen für die ungefärbte hielt. Wenn ich in der früheren Mitteilung etwas voreilig sagte, dass meiner Ansicht nach es aber wohl für ihn nicht glücklich war, dass er mit zwei in irgendeiner Weise gefärbten Sorten arbeiten musste..., so ist dies nun durch die vorliegenden Ergebnisse bestätigt worden, sodass ich darin Recht hatte.

D. Schlussfolgerung.

Aus den vorhergehenden Angaben können wir zu der Vorstellung gelangen, dass die Gene **S** und **M** gemeinsam mit dem noch der Identifikation bedürftigen Gen (**F_x**) für die Blütezeit ein und dieselbe Koppelungsgruppe ausmachen. Was die Anordnung der obengenannten Gene in dem in Frage kommenden Chromosom im Sinne der MORGANSchen Schule anbelangt, so können die vorliegenden Ergebnisse nur dahin deuten, dass sie sich in der Reihenfolge **S-M-F_x** (oder in der umgekehrten) befinden können. Und zwar könnte die Verteilung der Gene in dem betreffenden Chromosom bei der einzelnen Versuchspflanze je einer Kreuzung beziehungsweise in folgender Weise schematisch dargestellt werden mit der Einschränkung, dass sie und ihre Koppelungswerte nach der weiteren Analyse in die folgenden Generationen eventuell richtiger eingereiht werden sollten.



Der Austauschwert zwischen **S** und **M** ist verschieden bei verschiedenen Fällen ausgefallen, und zwar beträgt er bei einem Falle ca. 7%, während bei einem anderen der Wert von 21% gefunden worden ist, ganz wie diese beiden auch bei den früheren Fällen bewiesen wurden. Wie wir gesehen haben, gibt es ohne Zweifel einen Grund anzunehmen, dass der Unterschied zwischen beiden Austauschwerten ganz fehlerfrei sein kann. Die Ursache dieses grossen Unterschiedes kann erst durch die Ergebnisse noch tiefergreifender Untersuchungen gefunden werden. Doch mag auch jetzt schon betont werden, dass auf Grund dieses Befundes eine Frage etwa danach gestellt werden könnte, ob nicht bei der phänotypischen Erscheinung, entweder bei der Endospermbe-schaffenheit oder bei der rötlichen Farbe der Spelzenspitze, noch irgendein

anderes Gen als **M** bzw. **S** beteiligt sein dürfte. Die in der früheren Mitteilung beschriebenen Umstände, dass das Gen **S** aus **S₁** und **S₂** entstehen könnte, und die beiden letzteren entweder in Koppelung stehen oder das eine (etwa **S₂**) von vornherein in beiden Ausgangspflanzen homozygotisch vorhanden sein könnte, möge in dieser Hinsicht eine gewisse Bedeutung haben, weil der Austauschwert zwischen dem **M** und dem einen (z. B. **S₁**) für die rötliche Farbe der Spelzenspitze 7% und der Austauschwert zwischen dem **M** und dem anderen (z. B. **S₂**) für die Hüllspelzenfarbe 21% betragen, bzw. es umgekehrt sein könnte. So ist eine Möglichkeit geschaffen worden, noch tiefer in die Ursache des genannten grossen Unterschiedes eindringen zu können, da in dem Falle, wo der Unterschied zwischen den in Rede stehenden Austauschwerten dem Vorhandensein der Gene **S₁** und **S₂** statt **S** zu verdanken wäre, zwischen den Genen **S₁** und **S₂** und dem Gen für die Blütezeit (**F_x**) auch die abweichenden Austauschwerte erwartet werden müssten.

Der Austauschwert zwischen **M** und **F_x** beträgt bei einem Falle 24% gegenüber dem anderen, bei welchem er nur 15% beträgt. Wegen der kleinen Anzahl von beobachteten Individuen in der betreffenden Bastardgeneration ist aber der Unterschied kleiner als der dreifache wahrscheinliche Fehler dieses Unterschiedes. Somit bleibt die Richtigkeit der Feststellung noch dahin gestellt, ob man es eigentlich hier mit zwei ganz getrennten Werten zu tun hat.

Was zunächst den Austauschwert zwischen **S** und **F_x** angeht, so beträgt er beinahe 24%. Der gefundene Wert ist etwas kleiner als der von beiden Austauschwerten, sowohl zwischen **S** und **M** als auch zwischen **M** und **F_x**, berechnete ausgefallen. Somit ist höchst wahrscheinlich, dass zwischen den betreffenden Genen ein doppelter Austausch stattfand. Um darüber Klarheit zu gewinnen, muss man jedenfalls die Ergebnisse in der **F₂**-Generation abwarten, da erst danach die Blütezeit bzw. die genotypische Konstitution der einzelnen, in Frage kommenden Pflanze festgestellt werden kann.

Bezüglich der Schwankungen in dem Verhältnis zwischen Stärke- und Dextrinendosperm bei der Spaltung bin ich inzwischen, wie es schon von mir anderswo ausgedrückt worden ist, zu der Ansicht geneigt, dass es sich um ein letales oder semi-letales Gen handle¹⁾. In dieser Hinsicht erwecken die Schwankungen der gefundenen Verhältniszahl der Zygote in den mittleren Klassen sowohl von **Sm** als auch von **sM** (bzw. **Mf_x** u. **mF_x**) unser Interesse, weil sie meistens so ausgefallen sind, dass die Anzahl der Zygote **Sm** meistens kleiner war als die der Zygote **sM** (vergl. auch YAMAGUCHI 1926). So könnte nicht ganz ausgeschlossen sein, dass das letale Gen (sage **l₁** bzw. **L₁**) ebenfalls mit dem **M** (bzw. **S** und **F_x**) in unvollkommener Koppelung stehen kann. Die früheren und die vorliegenden Ergebnisse scheinen ziemlich genau dieser An-

1) Gerade bei der Bearbeitung dieses Aufsatzes kam mir die Arbeit MANGELSDORF's (1926) zu Gesicht. Darin teilt er mit, dass einige Gene für unvollkommene Samen mit dem Gen für Zuckerendosperm in unvollkommener Koppelung stehen.

nahme zu entsprechen. Es sei die Hoffnung ausgesprochen, in einer nächsten Mitteilung an Hand der weiteren Ergebnisse eingehender darauf zurückzukommen.

E. Zusammenfassung.

1. Zwischen den Genen **S** und **M** sind die zwei ganz verschiedenen Austauschwerte von 7% und 21% konstatiert worden. Die beiden Phasen der Koppelung sind durch planmässige Kreuzungen erzielt worden.

2. Zwischen den Genen **M** und **F_x** findet sich auch eine unvollkommene Koppelung, deren Austauschwert bei einem Falle 24% und bei einem anderen 15% beträgt.

3. Die Gene **S** und **F_x** stehen ebenso in Koppelung miteinander, wie es nach den oben stehenden Artikeln 1. und 2. erwartet werden musste. Der Austauschwert beträgt hier etwa 24%. Das Vorkommen des doppelten Austausches ist höchst wahrscheinlich.

4. Die Gene **S**, **M** u. **F_x** machen somit die zweite (**S-M**-) Koppelungsgruppe der Reispflanze aus. Die Anordnung dieser Gene in dem betreffenden Chromosom ist höchst wahrscheinlich in der Reihenfolge von **S-M-F_x** oder umgekehrt anzunehmen.

5. Die Schwankungen des Zahlenverhältnisses zwischen Stärke- und Dextrinendosperm scheinen durch das eine letale Gen bedingt zu sein, welches ebenfalls zur zweiten Koppelungsgruppe gehören kann.

Literaturverzeichnis.

- HOSHINO, Y., 1915: On the inheritance of the flowering time in peas and rice. Journ. Coll. Agr. Tôhoku Imp. Univ. Sapporo, Vol. 6: 229—288.
- IKENO, S., 1916: On the inheritance of the flowering time in rice (Japanese). Postscript to the MIYAZAWA's article (1916). Proc. Jap. Breed. Soc., Vol. 1: 11—12.
- MANGELSDORF, P. C., 1926: The genetics and morphology of some endosperm characters in Maize. Connect. Agr. Exp. Stat., Bull. 279: 513—612.
- MIYAZAWA, B., 1916: Genetical studies on wheat and rice (Preliminary note). (Japanese). Proc. Jap. Breed. Soc., Vol. 1: 10—11.
- NOMURA, M. & YAMAZAKI, R., 1925: A study of the inheritance of the shooting time in the rice-plant. (Japanese with engl. Résumé). Jap. Journ. Gen., Vol. 3: 114—130.
- YAMAGUCHI, Y., 1921: Etudes d'hérédité sur la couleur des glumes chez le riz. Bot. Mag. Tôkyô, Vol. 35: 106—112.
- , 1926: Kreuzungsuntersuchungen an Reispflanzen. I. Genetische Analyse der Granne, der Spelzenfarbe und der Endospermbeschaffenheit bei einigen Sorten des Reises. Ber. d. Ôhara Inst. f. landw. Forschungen, Bd. 3: 1—126.