

# 大麦の7連鎖群標識遺伝子と独立遺伝をする

## 1群の遺伝子について

高橋隆平・林 二郎・安田昭三

### 緒 言

著者らはさきに大麦の下部葉鞘の毛の有無を支配する遺伝子 *Hs hs* と、春秋播性に関与する遺伝子の1つ *Sh sh* とが6.4%の組換え価で連鎖していることを多数の材料において確認した(高橋, 山本 1951; 高橋, 安田, 山本, 塩尻, 1953, 1954)。その後黄ムギとよばれる品種の顕著な特徴である土際の葉鞘部や稈の節などの黄白化, とくに出穂後間もなく穂や葉片などの黄化する性質の遺伝と連鎖をしらべ, これを支配する遺伝子が上記の *Hs* および *sh* の近くに座位することを確めた。また, 黄金麦などの外穎脈上に長毛を生ずる遺伝子が *Hs* と完全連鎖することを知った。しかもこれらの遺伝子は, いままで調べた範囲では, 既知7連鎖群標識遺伝子のいずれとも連鎖を示さなかつた。最近 Kramer ら (1954) は大麦の相互転座系統を用い, また土屋 (1956) は三染色体的植物によつて, これまで第 III 連鎖群および第 VII 連鎖群と考えられていた2群が同一染色体上にあり, したがつて別に未知の連鎖群のあることを明らかにした。したがつて, この結果はこのことと関連して多少興味があると思われるので, 一応いまままでに得た結果の概要を報告する。

### 黄穂の遺伝と連鎖

岡山県北部の1部で栽培されている黄ムギを主材料として用いた。この品種は幼時から葉色が他の品種よりやや淡く, 葉鞘の下部は黄白色を呈する。稈の節は鮮明な黄色乃至黄白色で, 出穂直後の穂色もまた黄緑色を呈し, その後急速に退色する。穂軸はまつたく緑色を欠き特異な黄色である。葉片は出穂後間もなく黄色の斑点を生じ逐次に退色黄化する。したがつて, 幼苗時から成熟に達する少し前までの間ではたやすく正常型と区別できる。これらの性質はつねに相伴つて遺伝するものであるが, 簡単のため本報では黄穂と仮称する。

黄穂の遺伝と連鎖関係は黄ムギと, 第1表に示す他の4品種との雑種の  $F_2$  と1部の  $F_3$  および戻し雑種を用いてしらべた。これらの品種の遺伝的構成は第1表に示されている。

第1表 交雑に用いた品種の名称と遺伝子構成。但し調査した対立形質のみを記す

品 種	連鎖群										その他		
	I	II	III	IV	V	VI	VII	その他	その他	その他			
Nigrinudum	V	B	n	—	s	U <sub>z</sub>	a <sub>n</sub>	—	—	hs	Yh	—	
Colsess I	—	—	—	K	Bl	s	U <sub>z</sub>	—	a <sub>c</sub>	—	sh	Yh	—
Coast III	—	—	—	—	—	—	U <sub>z</sub>	—	—	y <sub>c</sub>	—	Yh	—
メンシユアリー-C	—	—	—	—	—	s	U <sub>z</sub>	—	—	—	hs	Yh	sh
黄 ム ギ	v	b	N	k	bl	S	uz	A <sub>n</sub>	A <sub>c</sub>	Y <sub>c</sub>	Hs	yh	Sh

第1表に示した対立形質のうち、幼苗の色は第1葉期に調査し、緑色個体だけを本圃に移植した。また、春秋播性の分離調査のためには、雑種種子を木箱に播いてガラス室内におき、幼芽が地表に現われはじめるとすぐに100 Wattの電球で毎日日没直前から日出後まで補助照明を与えた(高橋, 山本 1951 参照)。

### 黄穂の遺伝様式

黄ムギと第1表の4品種とのF<sub>1</sub>雑種はすべて正常の緑色穂であつた。それらのF<sub>2</sub>における緑色穂と黄穂の分離状況は第2表に示すとおりである。この表でメンシュアリーC-1とあるのはガラス室昼夜照明下で、またメンシュアリーC-2とあるのは同じ雑種を戸外で秋播栽培したものである。

第2表 数交雑のF<sub>2</sub>における緑色穂と黄穂の分離

黄 表 ×	緑色穂	黄穂	合計	$\chi^2$ *	P
Nigrinudum	428	132	560	0.6096	0.5—0.3
Colsess I	417	147	564	0.3404	0.7—0.5
Coast III	155	47	202	0.3236	0.7—0.5
メンシュアリーC-1	346	100	446	1.5815	0.5—0.2
メンシュアリーC-2	577	215	792	1.9461	0.2—0.1

\*3:1の分離比として

第2表は黄穂が緑色穂に対し単劣性として遺伝されることを明らかに示している。ここに、この黄穂を支配する遺伝子に対し  $yh$  の記号を与える。

### 黄穂と葉鞘の毛および春秋播性との連鎖関係

黄ムギは黄穂 ( $yh$ )、葉鞘有毛 ( $Hs$ )、秋播性 ( $Sh$ ) であり、メンシュアリーCは正常穂 ( $Yh$ )、葉鞘無毛 ( $hs$ ) であつて、 $sh$  遺伝子を持ち春播性を示す。両品種のF<sub>2</sub>雑種におけるこれら3対立形質の分離状況を第3表に示す。

第3表を一見して明らかとなり、これら3遺伝子はたがいに独立でない。どの2遺伝子対についても両親と同じ遺伝子組合せの個体が組換型よりもはるかに多く、かなり密接に連鎖していることがわかる。ガラス室内の実験1では黄穂で葉鞘無毛の個体 ( $yh sh$ ) がまったく現われず、両形質は完全連鎖の形を示した。葉鞘の毛と春播性との間には6.8%の組換価が得られた。これは従来の実験で見られたと大体同じくらいの価である。したがつてこの実験では葉鞘の毛と黄穂との組換価も6.8%と推定される。しかし第2実験の成績を加えて計算し、9.4%の組換価を得た。

F<sub>2</sub>の結果だけでは組換価や遺伝子の排列順序を確実に推定できなかったため、上述の第1実験のF<sub>2</sub>個体中から、これら3対立形質の少なくとも2つについて優性の型と1つだけについて優性の型とを任意的に全部で139とり、各系統30個体ずつをガラス室長日下で栽培し、それらのF<sub>2</sub>個体の遺伝子構成を調査した。しかしこの場合春播性 ( $sh sh$ ) のものは十分の種子が得られなかつたので、F<sub>3</sub>試験に供することができなかった。なお、このF<sub>3</sub>世代で3劣性ホモ型 ( $yh sh hs$ ) を得たので、これと普通穂で秋播性、葉鞘有毛の個体 ( $Yh Sh Hs$ ) とのF<sub>1</sub>雑種に前者を戻し交雑した材料でF<sub>3</sub>試験の結果の追証を行つた。F<sub>3</sub>の結果は第4表に、また戻し交雑の結果は第5表にそれぞれ示した。

F<sub>3</sub> 試験の結果では、Yh と Sh との間に 0.9% および 3.9%，また Yh と Hs との間に 10.6% の組換え価がそれぞれ見出され、これらの組換え価に基づく期待数は観察数とよく一致した。Sh と Hs

第 3 表 黄△半 (yh Sh Hs) × メンシユアリー C (Yh sh hs) の F<sub>2</sub> における葉鞘の毛 (Hshs), 穂色 (Yhyh) および春秋播性 (Shsh) の関係

項 目	記 号	F <sub>2</sub> 表 現 型				計	χ <sup>2</sup>	P	
		Aa, Bb	AB	Ab	aB				ab
観 察 数	Hshs, Yhyh	(1)*	217	100	129	0	446		
		(2)*	387	212	190	3	792		
		(1+2)*	604	312	319	3	1238		
期待数 (独立分離)			696.4	232.1	232.1	77.4	1238	143.74	ごく小
期待数 (組換え価 9.4% として)			621.7	306.8	306.8	2.7	1238	1.11	0.8—0.7
観 察 数	Shsh, Yhyh	(1)*	219	100	127	0	446		
			250.9	83.6	83.6	27.9	446	57.63	ごく小
			223.0	111.5	111.5	0	446	3.41	0.2—0.1
期待数 (独立分離)			250.9	83.6	83.6	27.9	446	375.72	ごく小
期待数 (完全連鎖)			223.0	111.5	111.5	0	446	3.40	0.5—0.3
観 察 数	Shsh, Hshs	(1)*	303	16	15	112	446		
			250.9	83.6	83.6	27.9	446	375.72	ごく小
			320.1	14.4	14.4	97.1	446	3.40	0.5—0.3
期待数 (独立分離)			250.9	83.6	83.6	27.9	446	375.72	ごく小
期待数 (組換え価 6.8% として)			320.1	14.4	14.4	97.1	446	3.40	0.5—0.3

\* (1) は 1954 年ガラス室昼夜照明下の, (2) は 1956 年戸外秋播の実験結果

第 4 表 黄△半 × メンシユアリー C の F<sub>2</sub> 中からとつた, Sh, Yh, および Hs について 両優性あるいは単優性個体 (春播性個体を除く) の F<sub>3</sub> 試験成績

F <sub>2</sub> 表現型	項 目	F <sub>3</sub> の 遺 伝 子 型*				計	χ <sup>2</sup>	P
		SSYY	SsYY	SSYy	SsYy			
ShYh	観察数	0	1	1	110	112		
	期待数 (0.9%)	0	1	1	110	112	0	1.00
Shyh		SSyy	Ssyy					
	観察数	2	25			27		
	期待数 (3.9%)	0.6	26.4			27	2.66	0.2—0.1
ShHs		SSHh	SsHh	SSHh	SsHh			
	観察数	22	6	4	94	126		
	期待数 (6.3%)	38.2	5.1	5.1	77.6	126	10.73	0.02—0.01
Hsyh		HHyy	Hhyy					
	観察数	5	22			27		
	期待数 (10.6%)	4.4	22.6			27	0.10	0.8—0.7

\*Ss, Yy および Hh はそれぞれ Shsh (秋, 春播性), Yhyh (穂色) および Hshs (葉鞘の毛) を示す

西大蔵書印

との組換価は 6.3 % であつて大体予期通りの値を示したが、兩遺伝子についてヘテロの型が過多で、ホモの型が過少となり、期待数との一致はよくなかつた ( $P=0.02\sim 0.01$ )。戻し雑種の結果は、第 5 表に示すように、 $F_3$  試験の結果と大体同じであつた。しかし、 $Sh$  と  $Hs$  間の距離は今までの結果から予期されたものより小さかつた。

第 5 表 戻し交雑 [ $F_1$  ( $Yh Sh Hs \times yh sh hs$ )  $\times$   $yh sh hs$ ] の結果

記号	各表現型の数				計	組換価
	AB	Ab	aB	ab		
$Hshs, Yhyh$	216	21	19	231	487	0.0821
$Shsh, Yhyh$	227	13	8	239	487	0.0431
$Shsh, Hshs$	229	11	8	239	487	0.0390

第 6 表には  $F_2, F_3$  および戻し交雑実験から得た 3 遺伝子相互間の組換価、告知量および個体(系統)数を示し、かつこれらの数字から計算した重みづけられた平均の組換価および標準誤差を記した。これらの結果はどれも 3 遺伝子が  $yh-sh-Hs$  の順に排列されていることを示している。そして、平均値では  $yh-Hs$  間は 8.5% で、 $yh-sh$  間が最も短く 2.0%、 $sh-Hs$  間が 5.1% であつた。ここに、 $yh-Hs$  間の距離は  $yh-sh$  と  $sh-Hs$  との和となるべきであるが、後者の方が 1.4% 短い。これは各々の平均組換価を求めた材料やその数の違いによるものである。 $sh-Hs$  間の価はいままで多くの材料で調べた結果ではたいてい 6~7% であり、本実験の戻し交雑を除いた  $F_2$  と  $F_3$  の結果でも 6.7% であつたから、5.1% というのはおそらく過小の数字であると思われる。

第 6 表  $F_2, F_3$  および戻し雑種実験から得た組換価とその平均

遺伝子組合せ	試料	組換価(P)	告知量(i)	個体(系統)数(n)	重みづけられた平均組換価(P)
$Yhyh-Hshs$	$F_2$ (相反)	0.09	1.0222	1238	0.085 $\pm$ 0.01098
	$F_3$ ( $yhHs$ )	0.106	20.8706	27	
	戻し雑種	0.082	13.2844	487	
$Shsh-Hshs$	$F_2$ (相引)	0.069	14.3124	446	0.051 $\pm$ 0.00673
	$F_3$ ( $ShHs$ )	0.063	21.3587	126	
	戻し雑種	0.039	26.6816	487	
$Yhyh-Shsh$	$F_3$ ( $YhSh$ )	0.009	222.1587	112	0.020 $\pm$ 0.00514
	$F_3$ ( $yhSh$ )	0.039	49.4323	27	
	戻し雑種	0.043	23.8521	487	

#### Smith の方法による遺伝子排列の吟味

この材料は Smith (1947) の提示した簡易な 3 遺伝子排列順序決定法を応用するのに好適している。何となれば 3 遺伝子間の距離が近く、二重交叉の機会がほとんどないと考えられるからである。 $F_3$  試験を行つた個体のうち、1 遺伝子について劣性ホモの個体として、本実験では黄穂の個体が 27 ある。この  $yh$  ホモの 27 個体のうち 22 は親の黄ムギと同じ遺伝子構成  $yh yh Sh Sh Hs$  であつた。そして残りの 5 個体は  $Sh$  および  $Hs$  についてヘテロであつた。

いま  $yh=y$ ;  $Sh=S$ ;  $Hs=H$  という風にかきあらわすと、黄ムギは  $yHS$ 、モンシユアリーCは  $Yhs$  であるから、この交雑の  $F_1$  は次の3つの何れかであろう。

$$\begin{array}{ccc}
 (1) & (2) & (3) \\
 \frac{yHS}{Yhs}; & \frac{ySH}{Ysh}; & \frac{SyH}{sYh}
 \end{array}$$

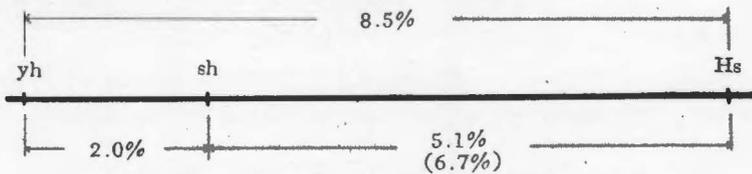
そして、これら上下に示された両親の染色体において第1の間隔および第2の間隔で単交叉が起つたとするとき、 $y$  をふくむ染色体の遺伝子排列は第7表に示すようになる。何となれば3遺伝子が(1)の排列順序  $y-H-S$  であつたと仮定すると、その第1間隔すなわち  $y$  と  $H$  との間、また第2間隔  $H$  と  $S$  の間でそれぞれ単交叉が起るとき生ずる染色体の遺伝子排列は  $yhs$  および  $yHs$  となると考えられるからである。

第7表 Smithの方法による3遺伝子排列順序の決定  
(但し  $y$  についてホモの系統について)

遺伝子排列順序の型	(1)	(2)	(3)
親の染色体(非交叉)	$yHS^*$	$ySH$	$SyH$
第1の間隔で単交叉した場合	$yhs$	$ysh$	$syH$
観察された $F_2$ の個体数	2	2	0
親の染色体(非交叉)	$yHS$	$ySH$	$SyH$
第2の間隔で単交叉した場合	$yHs$	$ySh$	$SyH$
観察された $F_2$ の個体数	0	3	3

\* $y$ ,  $H$  および  $S$  はそれぞれ  $yh$ ,  $Hs$  および  $Sh$  をあらわす

ところで、 $F_3$  検定の結果見出されたものは、 $H$  と  $S$  についてヘテロのものが2、 $H$  だけについてヘテロのものが3であつて、 $S$  だけについてヘテロのものは見出されなかつた。したがつて、 $y$  ホモの  $F_2$  個体に単交叉のみによつてこのような組換型が生ずるには、遺伝子排列は(2)の  $y-S-H$  でなければならない。(1)あるいは(3)の遺伝子排列からこのような組換型が生ずるには二重交叉が起らなければならないからである。だから、遺伝子排列順序は  $y-S-H$  であると結論される。そして、この結果は組換価から推定された遺伝子の排列順序とまったく同一である。第1図には以上の実験でたしかめた3遺伝子の排列順序と組換価とを示した。



第1図 3遺伝子,  $yh$ ,  $sh$ ,  $Hs$ , の排列順序と組換価  
(括弧内の数字は  $F_2$  と  $F_3$  のみの結果による)

### 長穎毛の遺伝と連鎖

Åberg および Wiebe (1946) は、第2図に示すように、外穎にある5つの脈のうち両側のものに普通の鋸歯のほか若干の長く伸びた毛様突起を生ずる品種がごくまれにあることを指摘している。

この特徴を持つ品種は日本にはかなり多く、朝鮮にも若干ある。しかしこの研究室に集まっている品種について一通り調べたところでは、その他の地域の大麦にはまったく見出されない。毛様突起の長短や多少についても品種間に差があり、したがってこれは粒による品種の識別上有用である。次にこれらの品種名を示してみよう。



第2図 外穎側脈上の長毛  
 左. 長毛(畿内薄皮); 中. 長毛(黄金麦);  
 右. 鋸齒のみ(大六角)

- 関 取 群: 関取3号(福島), 晚関取1号(福島), 関取1号(栃木), 関取田2号(群馬), 関取崎1号(埼玉), 関取2号(千葉), 関取(長野), 畿内関取2号(静岡), 関取崎1号(南鮮)
- 竹 林 群: 竹林茨城3号(茨城), 竹林(神奈川)
- 坊 主 大 麦 群: 坊主大麦1号(福島), 坊主1号(栃木), 坊主1号(千葉)
- 早 木 曾 群: 早木曾(鴻巣), 早木曾2号(島根), 早木曾3号(島根)
- そ の 他 の 皮 麦: 水府(茨城), 水晶普通, 野地, 畿内薄皮, 岡山(東京), 黄金麦, 勿禁皮麦一1(慶南), 青麦(慶南, 金海), 水原4号(江原), 水原13号(江原), 水原新5号(南鮮), 上海一5(華中=関取一)
- 裸 麦: 御堀裸1号(山口), スミレモチ(樺太), 羅州裸一3(全南), 馬山裸一1(慶南), 東来裸一2(慶南)

註. これらの品種のほか、ごくまれに長毛を生ずる品種が若干ある

外穎側脈上の鋸齒の多少、有無の遺伝については若干の研究がある。Smith (1951) によると、この形質には1~3遺伝子が関与するようであるが、Karpechenko および Ivanova (1932) はその主遺伝子 *G* が広護穎 *e* (第I連鎖群) と連鎖していることを示した。しかし長穎毛の遺伝についてはまったく報告がない。

本実験では長穎毛をかなり多く生ずる品種黄金麦と普通の鋸齒を多数生ずる岡育3号および青裸との交雑を用いた。また長穎毛を僅かに生ずる早木曾2号と鋸齒の少ない Tammi との雑種につ

第8表 黄金麦との2交雑の  $F_2$  における長穎毛と葉鞘の毛との関係

交 雑	穎毛あり		穎毛なし		計	$\chi^2*$	P
	葉鞘有毛	無毛	葉鞘有毛	無毛			
岡育3号×黄金麦	422	0	0	145	567	0.0248	0.9—0.8
青 裸×黄金麦	436	0	0	152	588	0.0567	0.9—0.8

\*穎毛有, 無の分離比3:1として

いても観察した。この結果によると、第 8 表に示すように、黄金麦との 2 雑種の  $F_2$  では長穎毛と普通鋸歯とが 3 : 1 の比に分離した。こゝに興味のあるのは長穎毛を持つ個体は例外なく葉鞘有毛で、普通の鋸歯のものはすべて葉鞘無毛であった。これは両形質が完全連鎖していることを示す。長穎毛に対する遺伝子の記号を仮に  $Hn$  と与えることとする。これに関連して、上にかかげた長穎毛を持つ品種が皮、裸のいずれを問わずすべて葉鞘有毛であることが注目される。

しかし早木曾 2 号  $\times$  Tammi の  $F_2$  雑種では、上述の場合と異なり、長穎毛を持つ個体が期待よりもはるかに少なかった。そして、長穎毛は、1 個体内のごく 1 部の穂の 1 ~ 2 の小花だけに見られる場合が多かった。したがってたしかな分離比は決定できなかつた。とはいえ、少なくとも長穎毛の見られた個体のすべては葉鞘有毛であったから、この雑種でも葉鞘の毛と長穎毛との連鎖が推測された。この雑種に長穎毛個体の分離の少なかった原因は明らかでないが、穎毛の発育には長穎毛遺伝子のほかに、普通の鋸歯の多数着生する遺伝的条件が必要で、片親の Tammi がこの条件を欠いていることによるものと推測された。

### 連鎖群標識遺伝子との関係—実験結果と考察

以上の実験で 4 遺伝子が 1 連鎖群を構成することが示された。それで、これらの遺伝子群が既知のどの連鎖群に属するかを明らかにするため、第 1 表にかかげた黄ムギと他の 4 品種との交雑の  $F_2$  について諸形質の分離を調べた。第 9 表、第 10 表にはそれぞれ葉鞘の毛および黄穂と種々の連鎖群標識遺伝子との関係が示されている。

第 9 表によると、葉鞘の毛の有無は I—VI 連鎖群の指示形質、すなわち条性 ( $Vv$ )、黒色穎 ( $Bb$ )、皮稜性 ( $Nn$ )、三叉芒 ( $Kk$ )、糊粉層の色 ( $Bl bl$ )、底刺の毛の長短 ( $Ss$ ) や並渦性 ( $Ux ux$ )、2 種の白苗 ( $A_n a_n$  と  $A_c a_c$ ) の何れとも独立である。また第 10 表は、黄穂も葉鞘の毛と同様に、同じ 9 つの 6 連鎖群標識遺伝子と独立であり、また第 VII (=III) 群の黄苗 ( $v_c$ ) ととも独立であることを示している。

さらに本実験以前に、筆者らは黄金麦、大治—13、有苞種その他の数品種を用い、葉鞘の毛の有無と連鎖群所属の明らかな諸形質との関係について調査を行った。それらの結果をとりまとめ第 11 表に示す。第 11 表に明かなように、黄金麦の場合葉鞘の毛は第 V 群を除く I—VI 群の、また大治—13 の同じ形質は II, VI 群を除く I—VII 群に属する種々の形質といずれも独立である。有苞種、無葉耳などにおいては 1 部の形質との関係についてしか調査されていないが、どの場合も葉鞘の毛と既知の連鎖群標識形質との間に連鎖の存在を示す結果を与えなかつた。第 11 表の結果は上述のように不完全で、またここに用いた諸品種の葉鞘有毛に対する遺伝子が相同であるとの直接の証明はない。しかしいままでの種々の品種についての実験では、葉鞘の毛に対する遺伝子が品種によつて異なると思われるような事実は見出されていない。したがって、第 9, 10 および 11 表の結果は  $Hs$  や  $yh$  遺伝子が少なくとも第 I—VII 連鎖群の主要な標識遺伝子の近くに座位しないことを示すものとみてよい。

すでに緒言で述べたように、Kramer, Veyl および Hanson (1954) や土屋 (1956) により大麥の第 III, 第 VII 両連鎖群が同一染色体にあることが示され、新しい連鎖群を確立する必要が生じた。そして、この実験で 4 遺伝子がたがいに連鎖し、これらのうち少くとも 2 つが数多くの既知の標識遺伝子と独立であることを知つた。それで、この連鎖群が問題の新群であるかどうかが当然問題となる。現在のところ、これを否定する理由はない。とはいえ積極的に肯定するには十分とは

第 9 表 黄△ギとの数交雑の F<sub>2</sub> における葉鞘の毛の有無 Hshs と種々の連鎖群標識遺伝子との独立分離

黄△ギ x	標識 遺伝子 X x	連鎖群	X		x		計	χ <sup>2</sup>	P
			Hs	hs	Hs	hs			
Nigrinudum	V v	I	292	115	111	41	560	3.860	0.3—0.2
〃	B b	II	315	117	89	38	559	4.078	0.3—0.2
〃	N n	III	319	112	81	42	554	7.405	0.1—0.05
Colsess I	K k*	IV	225	73	198	63	563	0.050	>0.99
〃	Bl bl	〃	304	115	119	24	562	6.603	0.1—0.05
Nigrinudum	S s	V	307	113	97	43	560	3.251	0.5—0.3
Colsess I	〃	〃	328	106	96	34	564	1.308	0.8—0.7
Mensury C	〃	〃	440	137	159	56	792	2.554	0.5—0.3
Nigrinudum	Uz uz**	VI	267	107	137	49	560	2.778	0.5—0.3
Colsess I	〃	〃	274	92	150	48	564	0.062	>0.99
Mensury C	〃	〃	463	147	136	46	792	2.000	0.7—0.5
Nigrinudum	A <sub>n</sub> a <sub>n</sub> ***	〃	404	156		169	729	3.783	0.2—0.1
Colsess I	A <sub>c</sub> a <sub>c</sub> ***	〃	424	140		193	757	0.105	0.95—0.9

\* 27 : 9 : 21 : 7 ; \*\* X群, x群それぞれ 3 : 1 として ; \*\*\* 9 : 3 : 4 として ; その他は 9 : 3 : 3 : 1 として

第 10 表 黄△ギとの数交雑の F<sub>2</sub> における種々の連鎖群標識遺伝子と黄穂遺伝子 yh との独立分離

黄△ギ x	標識 遺伝子 X x	連鎖群	X		x		計	χ <sup>2</sup>	P
			Yh	yh	Yh	yh			
Nigrinudum	V v	I	310	118	98	34	560	2.274	0.7—0.5
〃	B b	II	332	95	110	32	559	2.365	0.7—0.5
〃	N n	III	325	97	106	26	554	3.215	0.5—0.3
Colsess I	K k*	IV	220	78	196	69	563	2.876	0.5—0.3
〃	Bl bl	〃	311	108	104	39	562	0.607	0.9—0.8
Nigrinudum	S s	V	322	106	98	34	560	0.670	0.9—0.8
Colsess I	〃	〃	323	94	111	36	564	1.692	0.7—0.5
Mensury C	〃	〃	418	159	159	56	792	4.036	0.3—0.2
Nigrinudum	Uz uz**	VI	282	92	146	40	560	1.244	0.8—0.7
Colsess I	〃	〃	269	97	148	50	564	0.448	0.95—0.9
Mensury C	〃	〃	448	162	129	53	792	4.050	0.3—0.2
Nigrinudum	A <sub>n</sub> a <sub>n</sub> ***	〃	429	131		169	729	0.867	0.7—0.5
Colsess I	A <sub>c</sub> a <sub>c</sub> ***	〃	417	147		193	757	0.438	0.9—0.8
Coast III	Y <sub>c</sub> y <sub>c</sub> ***	VII	156	48		78	282	1.280	0.7—0.5

\* 27 : 9 : 21 : 7

\*\* X群, x群それぞれ 3 : 1 として (連鎖致死遺伝子のため)

\*\*\* 9 : 3 : 4 として

第 11 表 葉鞘の毛の有無と種々の遺伝子との独立分離  
(黄金麦, 大治-13などをふくむ種々の交雑の F<sub>2</sub> について)

交 雑	親 交 遺伝子 X x	連鎖群	X		x		計	χ <sup>2</sup>	P
			Hs	hs	Hs	hs			
黄金麦×									
岡育3号	<i>Pr pr</i>	I	322	117	100	28	567	3.096	0.5—0.3
Nigrinudum	<i>V v</i>	//	120	46	51	19	236	3.650	0.5—0.3
"	<i>B b</i>	II	132	40	39	25	236	8.557	0.05—0.02
"	<i>N n</i>	III	125	50	46	15	236	1.273	0.8—0.7
"	<i>L l</i>	//	133	36	40	25	234	9.191	0.05—0.02
岡育3号	<i>N n</i>	//	318	109	104	36	567	0.130	0.99—0.98
Colsess I	<i>L l</i>	//	239	77	85	36	437	3.377	0.5—0.3
"	<i>K k</i>	IV	238	85	91	28	442	1.302	0.8—0.7
"	<i>A<sub>c</sub> a<sub>c</sub></i>	VI	329	113	—	—	442	0.076	0.8—0.7
"	<i>U<sub>z</sub> u<sub>z</sub>*</i>	//	217	85	112	28	442	3.461	0.5—0.3
Nigrinudum	" *	//	120	38	51	27	236	3.853	0.3—0.2
"	<i>A<sub>n</sub> a<sub>n</sub></i>	//	171	65	—	—	236	0.814	0.5—0.3
大治13×									
Nudideficiens	<i>V v*</i>	I	285	73	96	28	482	4.443	0.3—0.2
"	<i>N n</i>	III	285	80	95	21	481	4.812	0.2—0.1
Brachytic	"	//	242	74	74	21	411	1.588	0.7—0.5
Colsess I	<i>K k</i>	IV	306	99	124	39	568	4.319	0.3—0.2
"	<i>S s</i>	V	331	106	99	32	568	1.290	0.8—0.7
Brachytic	<i>Br br</i>	VII	244	74	72	21	411	2.042	0.7—0.5
有苞種×									
Nigrinudum	<i>V v</i>	I	362	136	123	34	655	2.726	0.5—0.3
"	<i>B b</i>	II	387	117	99	52	655	8.777	0.05—0.02
"	<i>Trd trd</i>	//	377	117	108	53	655	5.771	0.2—0.1
"	<i>N n</i>	III	378	134	107	36	655	3.914	0.3—0.2
"	<i>L l*</i>	//	334	116	151	54	655	0.342	0.98—0.95
"	<i>Lk lk</i>	//	360	119	125	51	655	2.788	0.5—0.3
"	<i>S s</i>	V	352	125	133	45	655	2.043	0.7—0.5
H. E. 3649×無葉耳	<i>Li li</i>	I	552	188	192	79	1011	4.490	0.3—0.2
"	<i>V v</i>	//	577	163	203	68	1011	5.162	0.2—0.1
"	<i>E e</i>	//	548	192	205	66	1011	2.167	0.7—0.5
"	<i>Pr pr</i>	//	536	204	207	64	1011	4.687	0.2—0.1
コピンカ タギ4号×六角シ パリー	<i>Lk lk</i>	III	62	24	17	10	113	2.422	0.5—0.3
高知×印度大 早生裸麦	<i>Bl bl</i>	IV	113	23	43	10	189	6.659	0.1—0.05
H. E. 3649×無葉耳	<i>R r</i>	V	589	208	151	63	1011	2.762	0.5—0.3
Brachytic×鎌不要	<i>Br br</i>	VII	234	69	61	24	388	3.230	0.5—0.3

\*X : xの分離が3 : 1から外れているため, X群, x群別にそれぞれ3 : 1として計算した

いえない。何となれば、ここに見出された連鎖遺伝子間の距離は全体で8.5%で、比較的短い。また、もし調査した品種の葉鞘有毛性がすべて同一遺伝子によるものであるとしても、本実験でしらべた同一染色体上の2標識遺伝子間の距離は39%乃至14.8%にすぎないから、第III, VII群以外の連鎖群において別の遺伝子と連鎖関係を示す場合があるかも知れない。またわれわれの手許にもこれと同じように、実験遺伝学的方法で連鎖群の所属を決め得ない形質が若干あるからである。したがって、ここに見出された諸形質について相互転座や三染色体的植物による連鎖関係の再検討を行うことが急務であると思われる。葉鞘の毛の遺伝子  $Hs$  は環境条件や品種によりときとして完全な Penetrance が期待できない場合があり、春播遺伝子  $sh$  も交雑組合せの選定や実験条件に対する制約がある。しかし黄穂は比較的“よい”形質であるといえよう。

## 摘 要

岡山県の1在来種、黄ムギは株の土際の部分が白くなり、稈の節や穂軸は黄白色で、穎や葉片は出穂後間もなく退色黄化する。この形質を黄穂と名づけ、その遺伝および連鎖関係について調べた。また黄金麦などに見られる外穎側脈上の長毛についても同様の実験を行った。

1. 黄穂は正常に対し単劣性、また長穎毛は普通鋸歯に対し単優性である。
2. 黄穂に対する遺伝子  $yh$  は葉鞘の毛  $Hs$  と8.5%、春播性遺伝子の1つ  $sh$  と2%の組換えで連鎖している。 $Hs$  と  $sh$  間の組換え価は本実験では5.1%であった。これら3遺伝子の排列順序は  $yh-sh-Hs$  である。
3. 長穎毛に対する遺伝子  $Hn$  は上記の  $Hs$  と完全連鎖している。長穎毛の発現には普通鋸歯の多発が必要であると推測される。
4. 黄穂  $yh$  および葉鞘の毛  $Hs$  と大麦の7連鎖群標識遺伝子との関係をしらべたが、いずれも連鎖を暗示するような結果を得なかつた。

## 文 献

- Åberg, E. and Wiebe, C. A. 1946. Classification of barley varieties grown in the United States and Canada in 1945. U. S. Dept. Agric. Tech. Bull. No. 907.
- Karpechenko, G. D. and Ivanova, K. V. 1932. Linkage of genes I and G in barley. Bull. Lab. Genet. Leningrad 9: 97—108 (Smith, L. 1951 による)。
- Kramer, H. H., Veyl, R. and Hanson, W. D. 1954. The association of two genetic linkage groups in barley with one chromosome. Genetics 39: 159—168.
- Smith, L. 1947. A simplified method for establishing the three-point order of genes from  $F_3$  data. J. Amer. Soc. Agron. 39: 353—355.
- Smith, L. 1951. Cytology and genetics of barley. Bot. Rev. 17: 133—202, 285—355.
- 高橋隆平, 山本二郎, 1951. 麦類の出穂生理とその遺伝. I. 大麦における“感光性”の遺伝及び連鎖. 農学研究 40: 13—24.
- 高橋隆平, 安田昭三, 山本二郎, 塩尻勇, 1953. 麦類の出穂生理とその遺伝. II. 2種の春播性大麦品種の遺伝分析. 農学研究 40: 157—168.
- 高橋隆平, 安田昭三, 山本二郎, 塩尻勇, 1954. 麦類の出穂生理とその遺伝. III. 大麦における春播性の遺伝様式. 農学研究 41: 87—96.
- 土屋工, 1956. 三染色体的植物による大麦連鎖群の研究. 遺雑. 31: 313—314.