ゲンの連鎖分析法についての一試案*

酒 井 寛 一

(北海道農業試験場上川支場)

Projection of a new method for linkage analysis K. Sakai.

育種をする時に、早晩性とか草丈、収量などという量的形質に關與するゲンについて正確な選抜をすることが出来れば大變有利である。この理由から今迄、量的ゲンと質的ゲンの連鎖に關する研究が、二三の果菜類やタバコ等で行われている。併し一般に量的ゲンは、同一の形質に關與するゲンの數が多く、所謂複數因子の場合が多いから、連鎖分析は容易ではない。

それで著者はここに、ゲン連鎖分析の新しい可能性について述べたいと思う。これは目下著者の屬する研究室に於て、著者とその同僚の手によつて實驗が進められているが、完成までに多少の時日を要するので、差當り試案として發表する。

さてこの方法即ち假りに「單染色體分析法 One chromosome-method」さと呼ばれるべき方法の考えの基礎は、分析したいと思う一定の染色體一本丈をさり出して、その上につけているすべての對立ゲンに關して相異なる2群の植物をつくり、その質的及び量的形質の統計學的比較によつて、對立ゲンの分析を行なうことにある。

この2群を作る爲には次のような手續がさられねばならぬ。即ち二つの品種の交配 F_1 に、一方の親を連續戻交配して、一定の標的ゲンをもつた一本の染色體以外は全部、戻交配に用いた親と同じ染色體組成にしてしまい、この出來た個體を戻交配に使つた親品種と交配して F_2 を養成すれば、この F_2 の個體はすべて、その一定の染色體對に關してのみ分離しよう。即ちこの一定の染色體對について、ホモが2群とヘテロが1群の、合計3群に分れる筈である。こゝで最も簡単な考え方をすれば、このホモ兩群の間における形質のあらゆる差異は、この一定染色體對の上につけている對立ゲンによつて生じたものであるから、この差異を起すゲンはすべて、この一定染色體對の上に連鎖して座をしまっているといえる。

たゞ實際は以上述べたほど簡単なものではなからう。何故ならば、戻交配の途中においてある頻度でゲンの乗換が起り得るからである。この危険を少なくする爲には、出来れば標的ゲンの數を増すこと、戻交配の生産個體數を多くして戻交配回數を減らせばよいであろう。

著者らによつて現在進行中の實驗計畫の中、イネのウルチ、モチ染色體に關する場合を一例として述べよう。

モチ品種A (染色體の組成を $\frac{M}{M} \frac{11_A}{11_A}$ とする) とウルチ品種B (染色體の組成を $\frac{M}{M} \frac{11_B}{11_B}$ とする) を使つて、 $M-m$ 染色體對の對立ゲンの連鎖分析をする場合を考える。

この $\frac{m}{M} \frac{11_B}{11_B}$ を自殖させて後裔を養成してもよいし、或は自殖させて $\frac{m}{m} \frac{11_B}{11_B}$ としてから、更めて

$\frac{M}{M} \frac{11_B}{11_B}$ 即ちB品種と交配して F_2 の分析をしてもよいであろう。

この場合一つの問題として考えられることは、目標とする染色體以外が完全に置き換えられたかどうかを知ることであるが、これは後裔の形質の分離から判斷出来る。

$\frac{m}{M} \frac{11_B}{11_B}$ を自殖させるさ、その後裔は $\frac{M}{M} \frac{11_B}{11_B}$ と $\frac{m}{M} \frac{11_B}{11_B}$ 及び $\frac{m}{m} \frac{11_B}{11_B}$ の3群に1:

* 昭和23年9月25日 第80回講演會に於て發表

日本作物學會紀事 第18卷 第2~3~4號

2:1の比で分れる。この3群の中、ホモの兩群につき群間の形質の差異を求めるか、或はヘテロの群を區別し難い時には、一定の表現型を基準として、他の分離しているあらゆる形質の調査を行えばよいであろう。

この方法はまだ實驗的にその可能性が證明されてはいないが、現在既に著者及びその同僚の手によつて實驗進行中である。

尙この方法は、例えばカイコのような動物でヘテロの性ではゲン乗換が起らないというような場合には、極めて有効に利用出来るであろう。

$$\begin{array}{lcl}
 P & A \left(\frac{m}{m} \frac{11_A}{11_A} \right) & \times B \left(\frac{M}{M} \frac{11_B}{11_B} \right) \\
 F_1 & \frac{m}{M} \frac{11_A}{11_B} & \times \frac{M}{M} \frac{11_B}{11_B} \quad (\text{第 1 回戻交配}) \\
 \downarrow & & \\
 B_1 F_1^{1)} & \frac{M}{M} \frac{5.5_A + 5.5_B}{11_B} & \times \frac{m}{M} \frac{11_B}{11_B} \quad (\text{第 2 回戻交配}) \\
 \downarrow & & \\
 B_2 F_1 & \frac{M}{M} \frac{2.75_A + 8.25_B}{11_B} & \times \frac{m}{M} \frac{11_B}{11_B} \quad (\text{第 3 回戻交配}) \\
 \downarrow & & \\
 B_3 F_1 & \frac{M}{M} \frac{1.375_A + 9.625_B}{11_B} & \times \frac{m}{M} \frac{11_B}{11_B} \quad (\text{第 4 回戻交配}) \\
 \downarrow & & \\
 B_4 F_1 & \frac{M}{M} \frac{1_A + 10_B}{11_B} & \times \frac{m}{M} \frac{11_B}{11_B}
 \end{array}$$

1) 1回の戻交配によつて生ずる F_{10} 。以下同様。2) これは平均の A, B 染色体の組合せ値である。以下同様。3) この個體は花粉検査によつて開花前に除き得る。以下同様。

Résumé

For linkage analysis of genes especially of quantitative characters, a new possible method is suggested. This may be called "One chromosome-method", and consists of crossing of two varieties, successive backcrossing to one parent and selfing, leading to a formation of a recovered line with one pair of chromosomes from the non-recurrent parent and all the other pairs of chromosomes from the recurrent parent. If we cross these plants to the recurrent parent and self the F_1 plants, the coming F_2 plants may separate into three groups: one homozygous similar to the recurrent parent, one heterozygous similar to F_1 and one homozygous similar to the recovered line in a ratio of 1:2:1. Precise comparison of the two homozygous groups may reveal the linkage relations of genes locating on the specific chromosome pair. This analysis may especially be available to animals in which crossing-over does not occur in the heterogametic sex.