

# 琉球大学学術リポジトリ

## 西村のイネ第7染色体に対応する新連鎖群(農学科)

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学農学部 公開日: 2008-02-14 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 佐藤, 茂俊, 新城, 長有, Sato, Shigetoshi, Shinjo, Choyu メールアドレス: 所属:
URL	<a href="http://hdl.handle.net/20.500.12000/3933">http://hdl.handle.net/20.500.12000/3933</a>

## 西村のイネ第7染色体に対応する新連鎖群

佐藤茂俊\*・新城長有\*

Shigetoshi SATO, and Choyu SHINJO : Construction of a New Linkage Group Corresponding to the Nishimura's Seventh Chromosome in Rice, *Oryza sativa* L.

## Summary

For the purpose to know the relation between a linkage group of rice plant containing three genes, *pgl* (pale green leaf), *Rf<sub>1</sub>* (pollen fertility restoring gene) and *fgl* (faded green leaf)<sup>18)</sup> and the corresponding chromosome, these three genes were cytogenetically examined, using six interchange homozygotes involving the seventh chromosome.

The present investigation showed that every gene of them was carried by the seventh chromosome. Since all of twelve linkage groups which were first demonstrated by Nagao and Takahashi,<sup>10)</sup> were estimated to be free from the chromosome, and their three groups, the sixth, the ninth and the twelfth, and two groups, the fifth and the seventh were fused respectively,<sup>5,14)</sup> it was estimated that the present linkage group was a new group for one of fused groups. The arrangement of three genes and six interchange breakpoints was estimated as *pgl* — 7-8b — *Rf<sub>1</sub>* — *fgl* — 7-11 — 6-7 — 3-7 — 7-9 — 7-8a (Fig. 1).

## 結 言

イネ半数体植物の染色体数に対応する12連鎖群が Nagao and Takahashi<sup>10)</sup>により初めて作製されて以来、相互転座系統あるいは三染色体植物を利用した連鎖分析により、連鎖群と染色体との対応が図られてきた。<sup>2, 3, 4, 5, 12, 14)</sup> その結果、12連鎖群の内7群はそれぞれ異なる染色体に対応することが両分析法で確かめられたが、<sup>2, 3, 12)</sup> 残る5群の内、第Vおよび第VII連鎖群の2群は共に西村の第1染色体に、第IV、第IXおよび第XII連鎖群の3群は第2染色体にそれぞれ対応することが三染色体分析により示唆された。<sup>5)</sup> その後、相互転座分析により、第IV、第IXおよび第XII連鎖群が併合し、第2染色体に対応することが立証された。<sup>14)</sup> 従って、完全なイネ連鎖群を確立するためには2乃至3群を新たに探す必要がある。

一方 Shinjo<sup>18)</sup>は Nagao and Takahashi<sup>10)</sup>が作製した連鎖群とは独立の1つの連鎖群を報告している。そこで本研究では、Shinjo<sup>18)</sup>の連鎖群に含まれている3遺伝子のそれぞれについて相互転座分析を行ない、同連鎖群と染色体との対応を図った。

\* 琉球大学農学部育種教室

## 材料および方法

本実験に供試した遺伝子系統ならびにそれらの系統の持つ遺伝子を Table 1 に示した。供試5系統の内、 $B_{19}$  (*Boro*)  $rf_1 - T65$  および  $B_{12}$  (*Boro*)  $Rf_1 - T65$  の2系統はそれぞれ *Boro* 型イネ品種 *Chinsurah Boro II* を1回母本とし、台中65号を反復父本とした19および12回の連続戻し交雑により育成された雄性不稔および稔性回復系統である。従って、それから2系統はいずれも台中65号の同質遺伝子系統と見做し得るものである。<sup>18)</sup> また  $F_4 - 6$  および HO 775 の2系統は九州大学農学部育種教室の保存系統である。供試相互転座ホモ系統 (RT-系統) は Table 2 に示す如くであり、いずれも劣性の稔性回復遺伝子  $rf_1$  を保持していた。

Table 1. Normal lines used and their genes

Line	Gene	Character expression
Taichung 65	$rf_1$	Pollen fertility restoring gene
$B_{19}$ ( <i>Boro</i> ) $rf_1 - T65$	$rf_1$	Ditto
$B_{12}$ ( <i>Boro</i> ) $Rf_1 - T65$	$Rf_1$	Ditto
HO 775	$pgl$	Pale green leaf
$F_4 - 6$	$fgl$	Faded green leaf

Note. Two lines,  $B_{19}$  (*Boro*)  $rf_1 - T65$  and  $B_{12}$  (*Boro*)  $Rf_1 - T65$  were obtained after 19 and 12 times of backcrossings of *Chinsurah Boro II* with Taichung 65, respectively.

Table 2. Six interchanges used and their breakpoints

Inter-change	Interchanged chromosomes	Breakpoint	Origin
T 3-7	3, 7	3-7	A-58:208 (Sato <i>et al.</i> <sup>13)</sup> )
RT 6-7	6, 7	6-7	Atomic bombed rice (Iwata <sup>1)</sup> )
RT 7-8a	7, 8	7-8a	Okute-asahi-AC-13 (Nishimura <sup>9)</sup> )
RT 7-8b	7, 8	7-8b	Okute-asahi-X-204 (Nishimura <sup>9)</sup> )
RT 7-9	7, 9	7-9	Okute-asahi-A-7 (Nishimura <sup>9)</sup> )
RT 7-11	7, 11	7-11	Atomic bombed rice (Iwata <sup>1)</sup> )

Note. Each interchange has the  $rf_1$  gene.

## 佐藤・新城：西村のイネ第7染色体に対応する新連鎖群

$Rf_1$  と転座点との連鎖関係を調べるために、RT7-11については、{RT7-11× $B_{12}$  (Boro)  $Rf_1$ -T65} × 台中65号の三系交雑を、残る5 RT-系統については、 $B_{19}$  (Boro)  $rf_1$ -T65 × {RT-系統 ×  $B_{12}$  (Boro)  $Rf_1$ -T65} の交雑を行った。また、他の2 遺伝子  $pgl$  (淡緑葉) および  $fgl$  (退色葉) の座乗染色体を明らかにするために、HO775 および  $F_4$ -6 と RT-系統との交雑  $F_2$  植物を用いて連鎖分析を行った。

上述雑種植物を1977年から1981年に亘り、琉球大学農学部研究圃場にて栽培した。また移植にあたり、10×20cmの並木植とし、うね巾を30cmとする栽植法を採った。他は当地の栽培法に準じた。

相互転座系統利用による連鎖分析には遺伝形質の分離の他に染色体型の分離調査をも伴う。2種の葉緑素突然変異遺伝子の分析用  $F_2$  植物ではそれを種子稔性で以って調査した。すなわち、 $F_2$  では正常染色体ホモ、相互転座ヘテロおよび相互転座ホモ個体がそれぞれ1:2:1の比で分離することが期待されるが、それらの内相互転座ヘテロ個体は部分不稔性を示すのに対し、他の2者は正常稔性を示す。一方、 $Rf_1$  の相互転座分析用三系交雑植物の  $Rf_1$ -染色体型をヨード・ヨードカリ液で染色した花粉の形態的分離調査に基づいて同定した。三系交雑植物は全て Chinsurah Boro II 由来の雄性不稔細胞質を有している。従って、同植物では相互転座および雄性不稔性による不稔花粉が産生されることになるが、両不稔花粉は互いに区別し得えた。先に Shinjo<sup>18)</sup> が報告しているごとく、雄性不稔性による不稔花粉は原形質を有しているものの、正常花粉に較べ小型であり、しかもヨード・ヨードカリ液による染色度も低い。それに対し、相互転座に起因するいわゆる染色体部分の重複一欠失による不稔花粉は雄性不稔性による不稔花粉とはほぼ同じ大きさであるが、原形質を欠く (佐藤・新城<sup>16)</sup> 参照)。

$Rf_1$  と転座点との組換え価は最尤法で、 $pgl$  および  $fgl$  と転座点との組換え価は相積法<sup>7)</sup> で算出した。

## 実験結果

3 遺伝子と第7染色体を含む6 転座点との独立性のカイ平方値を Table 3 に示した。

独立性のカイ平方値として、両者が独立遺伝した時の分離比、すなわち  $F_2$  では優性・正常稔:優性・部分不稔:劣性・正常稔:劣性・部分不稔=3:3:1:1、 $B_1F_1$  では1:1:1:1の比に対する、いわゆる全体のカイ平方値を算出することが多い。ここでは遺伝形質および染色体型分離の歪みによる影響を除くために、それらの値を全体のカイ平方値から減じた。

Table 3. Chi-square values for independence (d.f.=1) between genes,  $pgl$ ,  $Rf_1$  and  $fgl$ , and six interchange breakpoints

Breakpoint	Gene		
	$pgl$	$Rf_1$	$fgl$
3-7	0.874	134.888***	25.352***
6-7	28.872***	271.966***	76.147***
7-8a	3.613	28.813***	25.619***
7-8b	205.321***	409.470***	247.563***
7-9	7.038***	60.635***	16.064***
7-11	25.136***	331.574***	99.414***

Note. \*\* and \*\*\* : Significant at 1 and 0.1%, respectively.

Table 4. Linkage relations between *pgl* and six interchange breakpoints in  $F_2$ s of HO775 X RT-lines

Breakpoint	Segregation mode				No. of plants	Recombination value (%)	$\chi^2$ value (d.f.=3)
	F +	S +	F <i>pgl</i>	S <i>pgl</i>			
3-7	240 (228.8)	233 (228.8)	63 (76.2)	74 (76.2)	610	$\geq 50.0$	3.945
6-7	234 (248.4)	292 (305.9)	139 (121.1)	74 (63.6)	739	$22.1 \pm 2.7$	5.813
7-8a	189 (195.4)	227 (214.9)	72 (78.1)	59 (58.6)	547	$31.1 \pm 4.9$	1.370
7-8b	201 (204.3)	359 (368.7)	190 (177.7)	14 (13.3)	764	$3.6 \pm 0.9$	1.197
7-9	249 (240.1)	270 (271.4)	98 (100.9)	65 (69.6)	682	$28.6 \pm 3.8$	0.725
7-11	194 (203.2)	265 (256.5)	101 (103.3)	53 (50.0)	613	$20.5 \pm 2.8$	0.929

Note. F and S indicate fertile and semisterile, respectively.

Numbers in parentheses show expected numbers based on their recombination values.

Table 5. Linkage relations between  $Rf_1$  and six interchange breakpoints in three-way cross of  $B_{19}$  (*Boro*) $rf_1$ -T65 X {RT-lines X  $B_{12}$  (*Boro*) $Rf_1$ -T65 }

Breakpoint	Segregation mode				No. of plants	Recombination value (%)	$\chi^2$ value (d.f.=3)
	S $rf_1 rf_1$	S $Rf_1 rf_1$	F $rf_1 rf_1$	F $Rf_1 rf_1$			
3-7	167 (172.5)	52 (50.0)	48 (50.0)	178 (172.5)	445	$22.5 \pm 2.0$	0.511
6-7	215 (205.5)	30 (27.5)	25 (27.5)	196 (205.5)	466	$11.8 \pm 1.5$	1.333
7-8a	139 (143.5)	74 (86.0)	98 (86.0)	148 (143.5)	459	$37.5 \pm 2.3$	3.631
7-8b	241 (223.5)	8 (6.5)	5 (6.5)	206 (223.5)	460	$2.8 \pm 0.8$	3.433
7-9	135 (153.5)	80 (71.0)	62 (71.0)	172 (153.5)	449	$31.6 \pm 2.2$	6.741
7-11a)	194 (192.5)	8 (9.5)	11 (9.5)	191 (192.5)	404	$4.7 \pm 1.1$	0.497

Note. a) : The three-way cross of { $B_{12}$  (*Boro*)  $Rf_1$ -T65 X RT 7-11 } X Taichung 65 was succeeded.

F and S indicate fertile and semisterile, respectively.

Numbers in parentheses show expected numbers based on their recombination values.

## 佐藤・新城：西村のイネ第7染色体に対応する新連鎖群

Table 6. Linkage relations between *fgl* and six interchange breakpoints in  $F_2$ s of  $F_4-6 \times RT$ -lines

Breakpoint	Segregation mode				No. of plants	Recombination value (%)	$\chi^2$ value (d.f.=3)
	F+	S+	F <i>fgl</i>	S <i>fgl</i>			
3-7	135 (135.3)	201 (184.2)	64 ( 77.7)	26 ( 28.8)	426	16.1 ± 2.8	4.221
6-7	167 (172.0)	270 (263.0)	115 (118.0)	28 ( 27.0)	580	10.4 ± 1.9	0.445
7-8a	396 (388.7)	479 (466.3)	168 (181.3)	97 (103.7)	1140	23.9 ± 2.4	1.892
7-8b	146 (170.7)	316 (321.3)	185 (157.3)	9 ( 6.7)	656	2.1 ± 0.8	9.329*
7-9	168 (174.5)	221 (214.0)	82 ( 84.5)	47 ( 45.0)	518	22.4 ± 3.3	0.634
7-11	126 (125.5)	231 (222.5)	98 (106.5)	9 ( 9.5)	464	4.3 ± 1.3	1.031

Note. F and S indicate fertile and semisterile, respectively.

Numbers in parentheses show expected numbers based on their recombination values.

\*: Significant at 5%.

*pgl*は転座点3-7とは独立であった。しかし、同遺伝子と転座点6-7との独立性のカイ平方値は0.1%水準で有意であり、両者は約22.1%の組換え価で以って連鎖していた (Table 4)。このことから、*pgl*は同相互転座に関与している第6および第7染色体のいずれかに座乗していることが推定された。また転座点7-8bとの独立性のカイ平方値も0.1%水準であり、約3.6%の組換え価で両者は強く連鎖していたことから、*pgl*は第7および第8染色体のいずれかに座位しているものと考えられた。従って、上述2相互転座に共通に含まれている第7染色体に*pgl*が座位しているものと考えられる。さらに*pgl*は同染色体を含む他の2転座点、7-9および7-11ともそれぞれ28.6および20.5%の組換え価で連鎖していたことから (Table 3および4)、同遺伝子は第7染色体の遺伝子であると同定された。なお*pgl*と転座点7-8aとの独立性のカイ平方値は有意ではなかったが、両者の間に31.1%の組換え価を得た。

算出された組換え価に基づく期待値に対し、観察値はいずれの組合せにおいてもよく適合していた (Table 4)。

*Rf*<sub>1</sub>および*fgl*の2遺伝子と6転座点との独立性のカイ平方値は全て0.1%水準で有意となった (Table 3)。従って、前述したのと同様の理由から、2遺伝子はともに6種の転座点に共通に含まれている第7染色体に座乗していることが明らかとなった。また、*Rf*<sub>1</sub>は6転座点、3-7、6-7、7-8a、7-8b、7-9および7-11とそれぞれ22.5、11.8、37.5、2.8、31.6および4.7%の組換え価で (Table 5)、*fgl*とはそれぞれ16.1、10.4、23.9、2.1、22.4および4.3%の組換え価で (Table 6)連鎖していた。算出された組換え価による期待値に対する観察値の適合性のカイ平方値は、*fgl*-7-8bでは5%水準で有意となり、適合度はやや低かったが、他の11組合せではいずれもよく適合していた (Table 5および6)。

## 考 察

作物の遺伝・育種学的基礎研究として、連鎖群を完成させ、さらに各連鎖群の充実を図ることは重要である。Nagao and Takahashi<sup>10)</sup>がイネの12連鎖群を報告したが、その後各連鎖群に染色体的基礎を与えるべく、彼らの報告した遺伝子を中心に細胞遺伝学的検討が加えられてきた。その結果、第VII連鎖群の標識遺伝子として考えられていた $fs_1$  (葉縁かすり)や $Ur$  (枝梗わん曲)が第I連鎖群に移るなど<sup>12)</sup>、一部の遺伝子が他の群に移動することになったり、これまで独立であると考えられていた連鎖群が併合することが明らかとなった。<sup>5, 14)</sup>それ故、完全な12連鎖群を完成させるためには、併合により空白となった2乃至3連鎖群にかわる連鎖群を新たに探す必要があった。同様の課題が、かつてトマト<sup>11)</sup>やオオムギ<sup>19)</sup>でも生じたことは記憶に新しい。

一方、Nagao and Takahashi<sup>10)</sup>の連鎖群とは独立であると思われる、 $pgl$ 、 $Rf_1$  および  $fgl$  の3遺伝子からなる1つの連鎖群をShinjo<sup>18)</sup>が報告している。そこで、同連鎖群に染色体的基礎を与える目的から同群所属の3遺伝子それぞれについて、第7染色体を含む6種の相互転座系統を用いて連鎖分析を行った。その実験結果はTable 3~6に示すごとくであり、3遺伝子はいずれも第7染色体の遺伝子であると同定された。またNagao and Takahashi<sup>10)</sup>の連鎖群は第7染色体とはいずれも独立であったことから、<sup>2, 3, 4, 12)</sup>本連鎖群は併合して空白になった群にかわる新しい連鎖群であると考えてよさそうである。Yoshimura *et al.*<sup>20)</sup>も $pgl$ 、 $fgl$  および  $rk_2$  遺伝子(扁平粒)を用いた相互転座分析から、本研究と同様にそれらは第7染色体に座位しているとの結論を得ている。彼らの得た転座点6-7と $fgl$ との組換え価は6.3%であり、本実験での組換え価10.4%よりいく分小さかったが、他は著者らの成績とほぼ一致する。また本実験に供した3遺伝子はいずれもIwata *et al.*の作出したC型三染色体植物の余剰染色体と関連があったこと、<sup>4, 18)</sup> $Rf_1$ を除く2遺伝子はKhush *et al.*<sup>8)</sup>のTriplo 10の余剰染色体に座位していたことから、独立に作出された上述2系統はともに西村の第7染色体を余剰に有していると考えてよさそうである。

著者らの得た3遺伝子と6転座点との組換え価の成績とShinjo<sup>18)</sup>が先に報告した3遺伝子間での連鎖研究の成績を併せて、第7染色体の連鎖地図をFig 1に示した。

転座点7-8bの位置については、 $pgl$ 、 $Rf_1$  および  $fgl$  と転座点7-8bとの組換え価がそれぞれ3.6, 2.8 および 2.1%であったことと、 $pgl-Rf_1$ 、 $pgl-fgl$  および  $Rf_1-fgl$  の組換え価がそれぞれ11.9, 20.4 および 0.4%であるとの報告から<sup>18)</sup>、転座点7-8bは $pgl-Rf_1$ 間に位置するものと推定される。転座点7-8bと $pgl$  および  $Rf_1$  との組換え価に基づいて、両遺伝子間の組換え価を求めると約6.2%となり、その値は正常染色体系統を用いて得た値、11.9%よりかなり小さい。組換え価が減少したのは先に佐藤<sup>12)</sup>が報告している如く、転座により組換え制限を受けたことによると思われる。

転座点3-7、6-7 および 7-11の位置は、3転座点と $pgl$  および  $fgl$  との組換え価の比較から、いずれも $fgl$ 側に存するものと考えられる。さらに $fgl$ と3転座点との組換え価の比較から、3遺伝子とそれら3転座点の配列は $pgl-Rf_1-fgl-7-11-6-7-3-7$ であると考えられた。また7-8aおよび7-9の2転座点は $pgl-fgl$ 間に位置しないことは明らかではあるが、 $pgl$  および  $fgl$  との組換え価はいずれも近似した値であったために、両遺伝子のいずれの側に位置するかは、本実験からは決定し得なかった。しかし、佐藤・仲宗根<sup>15)</sup>は第7染色体に座位する基本栄養生長性早生遺伝子 $Ef_2$ を報告するとともに、同遺伝子は転座点6-7 および 7-11と強く連鎖しており、転座点3-7、7-8a および 7-9ともそれぞれ7.8, 25.9 および 23.3%の組換え価で連鎖するとの成績を得ている。従って、 $Ef_2$ は $fgl$ 側に座位する遺伝子であり、7-8a および 7-9の2転座点も $fgl$ 側に位置すると考えた方がよい。7-8a- $fgl$ の組換え価は7-9- $fgl$ のそれよりも若干大きかったこと、同様のことが $Rf_1$ と両転座点との間にも見られたことから、 $pgl-fgl-3-7-7-9-7-8a$ の連鎖関係が考えられた。この配列関係は佐藤・仲宗根<sup>15)</sup>の報告からも支持される。

佐藤・新城：西村のイネ第7染色体に対応する新連鎖群

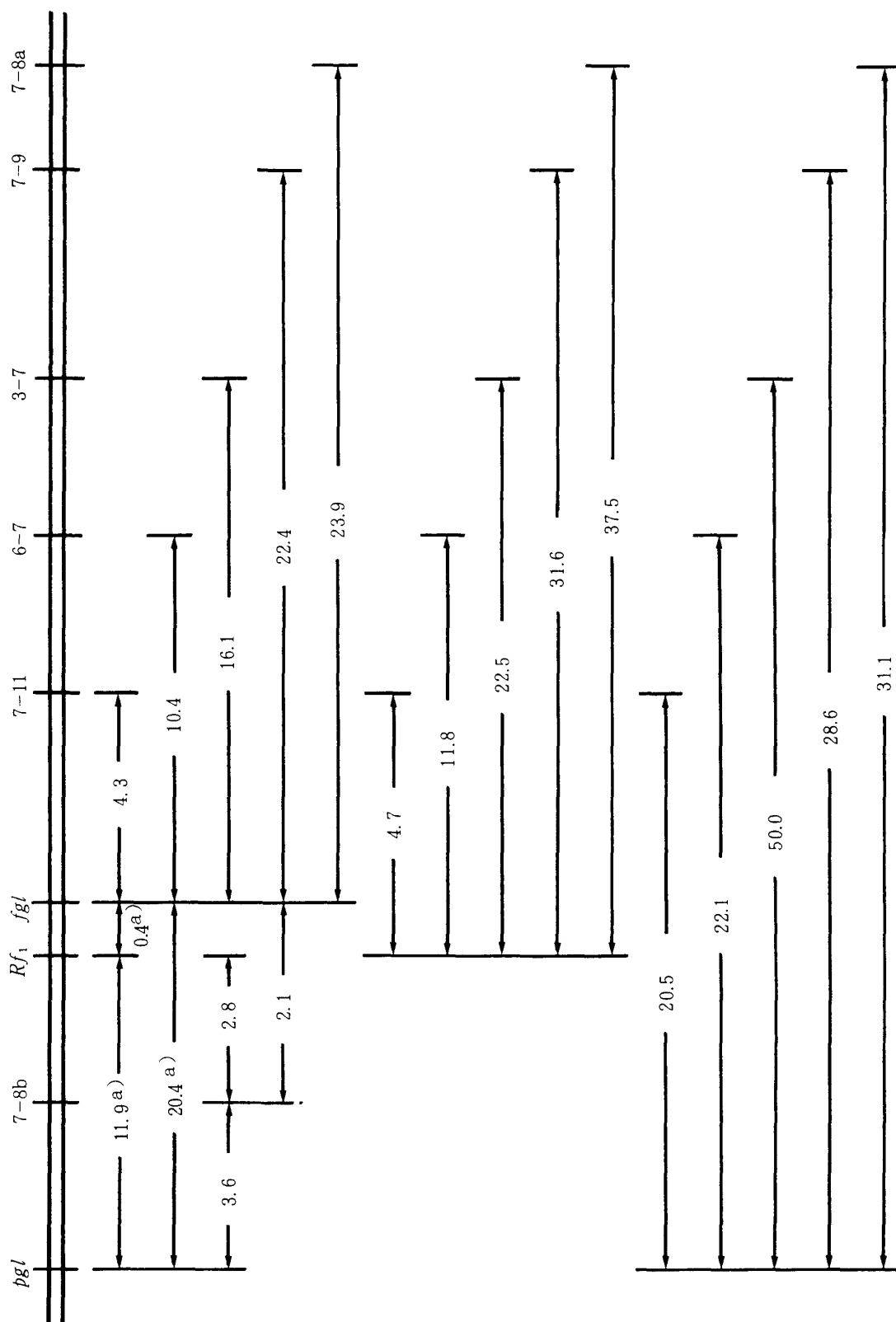


Fig. 1. Linkage map of the seventh chromosome.  
a) : Quoted from Shinjo.<sup>18)</sup>



$Rf_1$  と  $fgl$  との強い連鎖関係を Shinjo<sup>18)</sup> が報告している。そのことは両遺伝子とそれら遺伝子の近傍に位置すると考えられた 6-7, 7-8b および 7-11 の 3 転座点との組換え価がそれぞれに近似した値であったことから、本実験でも確認されたことになる。

ここに新連鎖群が明らかになったことにより、10種の連鎖地図が作製されたことになる。イネの半数体染色体数に相当する12の連鎖地図を完成させるには、今後さらに2群を新たに探さねばならない。一方、対応する連鎖群の明らかでない染色体は第4および第12染色体であるが、最近それらの染色体に座位する遺伝子が見い出されたことから、<sup>8, 17, 20)</sup> 近い将来には12種の連鎖地図が完成するものと思われる。

### 摘 要

3種の遺伝子 ( $pgl$ ,  $Rf_1$  および  $fgl$ ) からなる連鎖地図が Shinjo<sup>18)</sup> により報告されたが、同連鎖群に染色体的基礎を与える目的で、第7染色体を含む6種の相互転座系統を用いて、3遺伝子それぞれについて連鎖分析を行った。その結果を摘録すると以下の如くである。

- 1) 3遺伝子はいずれも第7染色体に座位することが明らかとなった。
- 2) 3遺伝子と第7染色体を含む6転座点の配列は、 $pgl-7-8b-Rf_1-fgl-7-11-6-7-3-7-7-9-7-8a$  と推定された。
- 3) Nagao and Takahashi<sup>10)</sup> の連鎖群は第7染色体とは関連がなかったことから、本連鎖群は併合して欠員となったものにかわる新連鎖群であると考えられる。

### 謝 辞

九州大学農学部育種教室の大村武教授および岩田伸夫助教授より実験材料の恵与とご助言をいただいた。記して両氏に謝意を表す。

### 引 用 文 献

1. 岩田伸夫 1970. 長崎の原爆被曝イネの後代における細胞遺伝学的研究, 九大農学芸誌 25: 1~53.
2. ———・大村 武, 1971. 相互転座法によるイネの連鎖分析, I. 染色体1, 2, 3, 4に対する連鎖群, 育種 21: 1~10.
3. ———・———, 1971. ——— II. 染色体5, 6, 8, 9, 10, 11に対応する連鎖群, 九大農学芸誌 25: 137~153.
4. ——— and ———, 1975. Studies on the trisomics in rice plants (*Oryza sativa* L.). III. Relation between trisomics and genetic linkage groups. Japan. J. Breed. 25: 363-368.
5. ——— and ———, 1976. ———. IV. On the possibility of association of three linkage groups with one chromosome. Jpn. J. Genet. 51: 135-137.
6. ———, ——— and M. Nakagahra, 1970. ———. I. Morphological classification of trisomies. Japan. J. Breed. 20: 230-236.
7. Joachim, G.S. 1947. The product method of calculating linkage from  $F_2$  data involving semisterility; and its application to a barley translocation. Genetics 32: 580-591.

## 佐藤・新城：西村のイネ第7染色体に対応する新連鎖群

8. Khush, G.S., R.J. Singh, S.C. Sur and A.L. Librojo, 1984. Primary trisomics of rice : Origin, morphology, cytology and use in linkage mapping. *Genetics* **107** : 141 - 163.
9. 西村米八, 1961. 水稻及び大麦における相互転座の研究, 農技報 **D-9** : 171 ~ 235.
10. Nagao, S and M.E. Takahashi, 1963. Genetical studies on rice plant, XXVII. Trial construction of twelve linkage groups in Japanese rice. *J. Fac. Agr., Hokkaido Univ.* **53** : 72 - 130.
11. Rick, C.M. and D.W. Barton, 1954. Cytological and genetical identification of the primary trisomics of the tomato. *Genetics.* **39** : 640 - 666.
12. 佐藤茂俊, 1976. 相互転座分析法による稲の連鎖分析, 琉大農学報 **23** : 73 ~ 104.
13. ———・木下俊郎・高橋萬右衛門, 1975. 稲の交雑に関する研究, 第XLII報, 稲の標識遺伝子型系統よりの育成とそれを利用した連鎖分析, 北大農邦文紀要 **9** : 193 ~ 199.
14. ———, K. Muraoka and Y. Sano, 1982. Reconstruction of a linkage group corresponding to the Nishimura's second chromosome in rice, *Oryza sativa* L. *Japan. J. Breed.* **32** : 232 - 238.
15. ———・仲宗根智, 1985. 相互転座利用によるイネ早生遺伝子  $Ef_2$  の分析, 育雑 **35** (別1) : 200 ~ 201.
16. ———・新城長有, 1983. イネ出穂期の遺伝に関する一実験, 琉大農学報 **30** : 145 ~ 153.
17. ———・塚崎撰司, 1984. イネ第12染色体に座乗する有芒遺伝子  $An_4$  の遺伝, 育雑 **34** (別1) : 288 ~ 289.
18. Shinjo, S. 1975. Genetical studies of cytoplasmic male sterility and fertility restoration in rice, *Oryza sativa* L. *Sci. Bull. Coll. Agr., Univ. Ryukyus* **22** : 1 - 57.
19. Tsuchiya, T. 1960. Cytogenetic studies of trisomics in barley. *Japan. J. Bot.* **17** : 177 - 213.
20. Yoshimura, A., N. Iwata and T. Omura, 1982. Linkage analysis by reciprocal translocation method in rice plants (*Oryza sativa* L.). *Japan. J. Breed.* **32** : 323 - 332.