# 利用 Partitioning method 分析水稻株高之遺傳

嚴　盛　添

我們均已熟知，株高是數量性狀之一。而數量性狀的遺傳基礎與質量性狀者相同。故數量性狀亦可表現出不同程度之顯性，因子間作用及連鎖等。只不過是數量性狀因子，受環境之影響大，單一因子之作用小，故常表現出連續性的分佈。但亦並非所有連續性的分佈，就必須是受很多對遺傳因子所支配。有時只要數對因子加上環境的作用就可表現出連續性的分佈。Mather （1949）曾替此數量因子下一定義說，此作用因子爲一遺傳物質的最小單位，但可被統計遺傳的方法分析出來。它可能是一羣緊連著的因子，或最低限度是單一因子。

迄今爲止，數量性狀遺傳之分析方法很多。但此地所應用的分析方法是首由 Powers (1950, 1951, 1955), Powers, Locke 和 Garrett (1950), Leonard, Mann 和 Powers (1957) 所用之Partitioning method of genetic analysis applied to quantitative characters。他們首先用於蕃茄果實之重量、開花期、子室數等之分析。然後亦曾應用於大麥株高之遺傳分析。Mohamed 和 Hanna 則首先用於分析水稻株高（1964）及穗長（1965）之遺傳。筆者個人認爲此亦是一很好的分析方法之一。乃利用本室所得植株高度之資料，應用此方法，介紹如下。

## 材料與方法

利用本室保存之嘉農242放射線誘變矮稻 D-242-2與由中興大學所育成之臺中 65號 isogenic line，IG-65-4 雜交。$F_1$ 種子於1964年獲得。接著即繁殖 $F_2$ 種子。$F_2$植株 300 株，單本植種於田間，依一般之栽培方法管理之。於成熟期自地面至最高植株之穗頂，量取其每一植株之高度。同時亦量取兩親本之高度。D-242-2 高約 40cm，而 IG-65-4 高約 103cm。

控制此株高遺傳之因子對數、因子作用情形等，則採用 partitioning method of genetic analysis (Powers 1950, 1951, 1955; Powers, Locke 和 Garrett 1950; Leonard, Mann 和 Powers 1957) 方法來分析及解釋。茲將試驗結果說明如下。

## 試驗結果

親本、$F_1$ 和 $F_2$ 植株所量得之株高分佈、平均值及標準機差，列於表一。在此資料中，假如其變異性是算術性 (Arithemetic scale)，則其理論 $F_1$ 株高平均值應爲 71.2cm。另一方面，如爲幾何性者 (Geometric scale)，其理論 $F_1$ 株高平均應爲 63.8cm。但我們實際獲得之 $F_1$ 株高平均爲 104cm 相差非常大，故其因子作用並不隨上述兩個 scale 中之任何一個。

表1. 親本、$F_1$、$F_2$ 族羣之株高頻度分佈

Table 1. Observed frequency distributions for plant height of parents, $F_1$ and $F_2$ populations

| 族羣 Population | 頻度分佈數（各組上限） Frequency distribution in number "upper limits of class" | | | | | | | | | | | | | | 總數 Total | 平均 Mean cm | S |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 30 | 35 | 40 | 45 | 50 | ..... | 85 | 90 | 95 | 100 | 105 | 110 | 115 | 120 | | | |
| D-242-2 | | 1 | 5 | 4 | | | | | | | | | | | 10 | 39.6 | 2.63 |
| $F_1$ | | | | | | | | | | | 2 | | | | 2 | 104.0 | 1.42 |
| $F_2$ | 3 | 6 | 31 | 24 | 10 | | 1 | 2 | 1 | 17 | 55 | 78 | 54 | 14 | 300 | 89.97 | 32.61 |
| IG-65-4 | | | | | | | | | | 3 | 5 | 0 | 2 | | 10 | 102.7 | 5.10 |

表2. 親本及$F_2$株高之百分率頻度分佈

Table 2. Frequency distributions of observed data of parents and $F_2$ populations expressed as percentages

| 族羣 Population | 各組上限 Upper class limit | | | | | | | | | | | | | | 總數 Total |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 30 | 35 | 40 | 45 | 50 | ..... | 85 | 90 | 95 | 100 | 105 | 110 | 115 | 120 | |
| D-242-2 | | 10.00 | 50.00 | 40.00 | | | | | | | | | | | 10 |
| $F_2$ | 1.00 | 2.00 | 10.33 | 8.00 | 3.33 | | 0.33 | 0.67 | 0.33 | 5.67 | 18.33 | 26.00 | 19.34 | 4.67 | 300 |
| IG-65-4 | | | | | | | | | | 30.00 | 50.00 | 0 | 20.00 | | 10 |

親本間之差異如前所述，D-242-2 之株高平均爲 39.6cm, IG-65-4 爲 102.7cm 兩者相差 63.1cm 達極顯著標準。但高的親本 IG-65-4 之高度與 $F_1$ 植株高度104公分相差不到 2cm 其差異不顯著。由此可得證明表現型顯性和遺傳顯性均存在於此雜交組合中。同時，因子內或因子間之相互作用亦均存在。因此任何 scale 都無法解釋其遺傳變異。但根據 Powers (1950) 之理論，在分析此種資料時，必須先消除遺傳之變異，其消除的方法爲設立每一族羣之因子型。本試驗之分析方法即根據此種理論來進行。

因爲我們是用算術之規格來記錄資料，故首先須確定變異性是否與常態分佈配合 (Leonard *et* al, 1957)。在本試驗中因兩親及 $F_1$ 族羣，其分佈無法滿足常態性測定之要求。而 $F_2$ 族羣個體分佈，則又非常明顯地分成不連續之兩個分佈。故雖未行常態性測定，亦可知其必非常態性。

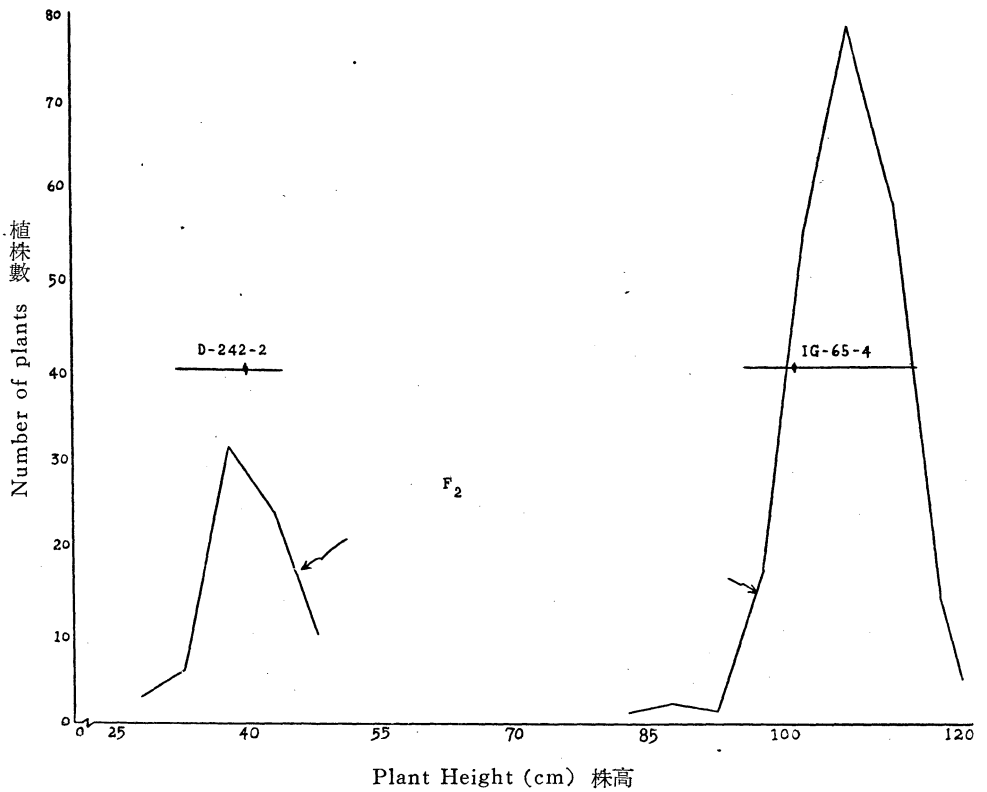



圖1. 親本及 $F_2$ 植株之平均及分佈。水平線表示親本之範圍，圓圈表示平均。

Fig. 1. Distribution and means of parents and $F_2$ plants by height classes in cross of IG-65-4 by D-242-2. Solid horizontal lines show the range of parents about the means.

由表1、表2、和圖1中均可明顯地看出，$F_2$ 頻度分佈是 dimodal。第一個 mode 發生在 40cm 組中，頻度佔10.33%，此 mode 與矮親本 D-242-2 之 mode 相同。而另一 mode 發生於 110cm 組中頻度爲26.0%。假若自 50cm 組以下之各組頻度加起來時，可得24.66%，約佔全分離族羣之1/4，此結果或可表示是一對因子支配此植株高度之遺傳。

但事實上 110cm 組之 mode 與高親本之 mode 不相符合，因此表示，至少另有一對以上之因子參予其作用。於是最簡單之假設，即是兩對因子支配著此株高之差異。在此假設下，如再仔細比較 $F_2$ 族羣之分佈與雙親族羣之分佈。我們就可假設 D-242-2 之因子型爲 aaBB，而IG-65-4 因子型則爲 AAbb.

前面已得知，表現型之顯性作用是存在的，故當植株屬於 Aabb 因子型時，其外表高度亦將與 AAbb 者同。故在 $F_2$ 族羣中與親本 IG-65-4 同組者將佔 18.75 %。同理得知 $F_2$ 植株中與親本 D-242-2 同組 (Classes) 者，亦佔18.75%。此數是根據兩對因子分離時，其 $F_2$ 後代之分離比9/16，3/16，3/16和1/16而來。

根據上述理論，任何 $F_2$ 頻度分佈均可根據兩親本系統分佈之基礎被劃分開來（如表3）。在表3最後一欄所列之理論百分率，加上兩親本觀察所得之頻度分佈，均可被用來分別估計植株具有 AAbb 和 Aabb 或 aaBB 和 aaBb 之理論頻度分佈。而在表3第二行及第三行所列之數值，即爲植株具有該所定因子型之理論頻度分佈。將此數值自觀察之 $F_2$ 族羣百分率中減去之後，所剩下之頻度分佈是屬於植株頻具有 AABB, AABb, AaBB, AaBb 及 aabb 等因子型者。

表3. 根據雙親之頻度分佈基礎所分成之$F_2$族羣頻度表

Table 3. Partitioning the frequency distribution of the $F_2$ Population on the basis of frequeney distributions of the two parents

| 族羣 Population | 各組上限 Upper class limit | | | | | | | | | | | | | 理論$F_2$百分率 Theoretical percentages $F_2$ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 30 | 35 | 40 | 45 | 50 | ····· | 85 | 90 | 95 | 100 | 105 | 110 | 115 | 120 | |
| $F_2$ (aabb ··· AABB) | 1.00 | 2.00 | 10.33 | 8.00 | 3.33 | | 0.33 | 0.67 | 0.33 | 5.67 | 18.33 | 26.00 | 19.34 | 4.67 | 100.00 |
| D-242-2 (aaBB+ aaBb) | | 1.88 | 9.37 | 7.50 | | | | | | | | | | | 18.75 |
| IG-65-4 (AAbb+ Aabb) | | | | | | | | | | 5.63 | 9.37 | 0 | 3.75 | | 18.75 |
| Balance (AABB+ AABb+ AaBB+ AaBb+ aabb) | 1.00 | 0.12 | 0.96 | 0.50 | 3.33 | | 0.33 | 0.67 | 0.33 | 0.04 | 8.96 | 26.00 | 15.59 | 4.67 | 62.50 |

事實上其頻度分佈（表3最下1行）仍是分兩羣，同時各羣之內，亦稍有不同程度的兩個峰。如矮株羣之 1.00 (30-class) 和 3.33 (50-class) 及高株羣之 0.67 (90-class) 和 26.00 (110-class)。此表示 Aa 和 Bb 因子對之間有不同程度之作用，此亦表示有完全的因子顯性作用。下一步利用 Leonard 等三氏 (1957) 所列述之方法求各因子型之平均及標準機差。即利用 $\frac{\bar{X}p_1-\bar{X}p_2}{S^2p_1-S^2p_2}$ 公式，再依其各因子型平均高度，與親本型之高度間的比例關係，求出各新因子型組之理論變方，其結果列於表4。在此表中，其因子型的平均的理論標準機差 (Theoretical standard errors of the means of genotypes) 與 $F_2$ 族羣是由因子型所組成之假設相同，每一因子型之分佈，均在其平均附近變化。

表4. 各因子型組之理論平均，變方及標準機差等

Table 4. Statistical constants and theoretical values for estimation of theoretical frequency distribution

| 因子型組 Genotype groups | $\bar{x}$±S.E. | $S^2$ | S | 理論數 Theoretical number | 理論百分率 Theoretical percent |
|---|---|---|---|---|---|
| AABB+AABb+AaBB+AaBb | 108.88±0.41 | 27.87 | 5.28 | 168.75 | 56.25 |
| AAbb+Aabb ($P_1$) | 102.70±0.68 | 26.01 | 5.10 | 56.25 | 18.75 |
| aaBB+aaBb ($P_2$) | 39.60±0.35 | 6.93 | 2.63 | 56.25 | 18.75 |
| aabb | 42.26±0.64 | 7.73 | 2.78 | 18.75 | 6.25 |

在表5中，其九個 $F_2$ 之因子型的四組理論頻度分佈是利用 Powers 等（1950）所設計之方法計算出來的。首先算出其理論百分率頻度，再乘以觀測族羣總數就可算出其理論的 $F_2$ 頻度分佈。有 $F_2$ 族羣觀察頻度分佈與理論頻度分佈，就可利用 $X^2$ 一法行均質性測定，示如表6。其 $X^2$ 值爲3.24，其自由度則爲5，機率介於0.70—0.50之間。表示兩者非常符合，此證實了兩親本間株高之差異是受兩對因子所支配。

表5. 用百分率表示之理論$F_2$頻度分佈估計表

Table 5. Estimation of the theoretical frequency distributions of the $F_2$ population expressed as percentages

| 因子型 Genotypes | 各組上限 Upper class limit | | | | | | | | | | | | | | 理論百分率 Theoretical percentages |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 35 | 40 | 45 | 50 | 55 | ····· | 90 | 95 | 100 | 105 | 110 | 115 | 120 | 125 | |
| AABB+AABb+AaBB+AaBb | | | | | | | | 0.43 | 4.22 | 18.62 | 35.05 | 29.38 | 10.56 | 1.74 | 56.25 |
| AAbb ($P_1$) | | | | | | | 0.64 | 5.91 | 23.36 | 37.55 | 25.00 | 6.84 | 0.80 | | 18.75 |
| aaBB+($P_2$) | 4.01 | 51.95 | 42.02 | 2.02 | | | | | | | | | | | 18.75 |
| aabb | 0.45 | 20.45 | 62.75 | 16.08 | 0.27 | | | | | | | | | | 6.25 |
| Theoretical $F_2$ population | 0.78 | 11.02 | 11.80 | 1.38 | | | 0.12 | 1.47 | 6.74 | 17.51 | 24.40 | 17.81 | 6.09 | 2.98 | 100.00 |

表6. $X^2$-測定觀測及理論$F_2$頻度分佈間之均質性表

Table 6. Chi-square test for homogeneity between the observed and theoretical $F_2$ frequency distributions

| 族羣 Population | 各組上限 Upper class center | | | | | | | | | 植株數 Number of plants |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 37.5 | 42.5 | 47.5 | ····· | 97.5 | 102.5 | 107.5 | 112.5 | 117.5 | |
| 觀測值 Observed | 40 | 34 | | | 21 | 55 | 78 | 58 | 14 | 300 |
| 計算值 Calculated | 37.5 | 36.5 | | | 23.0 | 54.0 | 76.0 | 55.5 | 17.5 | 300 |
| 理論值 Theoretical | 35 | 39 | | | 25 | 53 | 74 | 53 | 21 | 300 |

$X^2=3.24$　　df=5　　p=0.70-0.50

最後利用 Leonard 等 (1957) 之方法，由其各因子平均值及標準機差計算其各因子作用之大小及相互作用。

(a) A-a 因子對之作用

第一次估計：$102.70\pm0.68-42.26\pm0.64=60.44\pm0.95$

第二次估計：$108.88\pm0.41-39.60\pm0.35=69.28\pm0.56$

(b) B-b 因子對之作用

第一次估計：$39.60\pm0.35-42.26\pm0.64=-2.66\pm0.62$

第二次估計：$108.88\pm0.41-102.70\pm0.68=6.18\pm0.69$

由此估值中，可明顯地看出來，A-a 因子對較 B-b 因子對有大約强10倍的作用。其次再測定其相互作用。

a) A-a 作用因子對　$60.44\pm0.95-69.28\pm0.56=-8.84\pm0.96$

b) B-b 作用因子對　$(-2.66\pm0.62)-6.18\pm0.69=-8.84\pm0.96$

由此可看出來此兩值是相同的。

## 討　　論

此 Partitioning method of genetic analysis 是基於可將任何分離族羣中之頻度分佈分成其因子型成分。同時其遺傳假說之有效性可利用其理論與實際平均，頻度分佈及變方等間之比較測定來達成 (Powers 等1950)。

由 Leonard, Mann 和 Powers (1957)之分析方法得知，此兩親系統 IG-65-4 和 D-242-2，株高之差異，是受兩對遺傳因子之支配。而 IG-65-4 和 D-242-2 之遺傳結構 (因子型) 分別訂爲 AAbb 和 aaBB。同時亦發現 A-a 因子對，在株高上之影響力，大約較 B-b 因子對之10倍以上。這結果證實了，數量因子間亦有顯性之作用。

而應用此方法，亦非沒有缺點，主要的是，當因子對數增多時，計算繁什，分析困難，其眞實性亦降低。但此點，並非只此方法有此缺點，其他許多之分析方法，均有同樣的缺憾。另一方面，每一族羣之個體，都需相當多。但此報告中之兩親、$F_1$ 及 $F_2$ 等族羣，其個體數均不太多。因此其結論之有效性，亦可能相對的減少些。但這也是由於水稻在什交上比較困難之限制，無法像異交作物那樣容易獲得大量之什交後代。同時此報告之目的，亦以介紹此分析方法爲主，實際的結論爲輔。另外，在將來的分析時，亦應增加有回交系統和 $F_3$ 以後之世代。有了這些族羣，及增加每一族羣的個體數時，其結論的精確性便可大大的增加。

## 摘　　要

在臺中65號之 isogenic line，IG-65-4 與嘉農242號之突變矮稻，D-242-2 (其植株高度分別爲 103cm 和 40cm) 之雜交後代中。利用 partitioning method of genetic analysis (Powers,1950, 1951, 1955; Powers，Leocke 和 Garrett, 1950; Leonard，Mann 和 Powers, 1957) 分析。其結果得知 IG-65-4 的因子型爲 AAbb，D-242-2 的因子型爲 aaBB，其株高的差異是受兩對因子所控制。且其中之一對因子 (A) 的作用較另一對因子 (B) 的作用約大10倍。

# STUDY OF PLANT HEIGHT INHERITANCE OF RICE BY PARTITIONING METHOD OF GENETIC ANALYSIS

By

Sheng-tian Yen

## Summary

An isogenic line of Taichung no. 65, IG-65-4, was crossed with an induced dwarf mutant from Chianung 242, D-242-2 which measured about 103 cm and 40 cm respectively. Two effective factor pairs (genes) differentiating the plant height between these two parents were estimated by the partitioning method of genetic analysis of Powers and his coworkers. Moreover, one of the effective factor pairs is estimated about 10 times more effective than the other.

## References Cited

1. Leonard, W. H., H. O. Mann, and L. Powers. 1957: Partitioning method of genetic analysis applied to plant height inheritance in Barley. Colorado Agr. and Mechan. College, Agr, Exptl. Sta. Tech. Bull. no. 60. pp 24.
2. Mohamed, A. H. and A. S. Hanna. 1964: Inheritance of quantitative characters in rice. I. Estimation of the number of effective factor pairs controlling plant height. Genet. *49*:81-93.
3. _____. 1965: Inheritance of quantitative characters in rice. II. Inheritance of panicle length. Canadian J. of Genet. and Cytology 7 (3):406-417.
4. Powers, L. 1950: Determining scale and the use of transformations in studies on weight per locule of tomato fruit. Biometrics 6 (2):145-163.
5. _____. 1951: Gene analysis by the partitioning method when interactions of genes are involved. The Botanical Gazette 113(1): 1-23.
6. _____, 1955:Components of variance method and partitioning method of genetic analysis applied to weight per fruit of tomato hybrid and parental populations. U. S. Dept. of Agr. Tech. Bull. no. 1131. pp 64.
7. _____, L. F. Locke, and J. C. Garrett. 1950: Partitioning method of genetic analysis applied to quantitative characters of tomato crosses. U. S. Dept. of Agr. Tech. Bull. no. 998. pp 56.