中華農業研究 (Jour. agric. Res. China) 31(4)：265～274 (1982)

# 析出法分析水稻穀粒長之遺傳研究[1]

郭 益 全[2]

**摘要**：以水稻品種 Mira ($P_1$)×Norin 20 ($P_2$) 之兩個親本及其 $F_1$ 與 $F_2$ 等四個集團爲材料，探討控制水稻穀粒長之遺傳行爲。經使用遺傳分析析出法分析之結果發現：兩親本穀粒長之差異係由兩對有效因子對所支配，且穀粒短者 ($P_2$) 對長者 ($P_1$) 爲部份顯性，兩親本 Mira ($P_1$) 及 Norin 20 ($P_2$) 之穀粒長基因型分別被訂爲 *aabb* 與 *AABB*。因子交感作用之估算結果顯示對立因子對 *A* 對 *a* 有高度之部份顯性；而對立因子對 *B* 對 *b* 亦有相當程度之部份顯性。*A* 因子與 *a* 因子之置換，在不同之基因型遺傳背景下對穀粒長之效應並不盡相同；*B* 因子與 *b* 因子之置換其結果亦同。因知此兩因子對非爲重覆基因。綜言之，*A* 與 *a* 基因對及 *B* 與 *b* 基因對之顯性程度視其所處遺傳背景之不同對稻穀粒長之支配而有若干不同程度之變異。

任何分離集團或異質集團 (Segregating or heterogeneous population) 之頻度分布是由具不同因子型之許多個體 (Individuals) 組合而成，而這些具同一因子型 (Identical genotype) 之諸多個體，由於所處微環境之差異而變動 (Fluctuate) 於各該共同均值 (Common mean) 附近。此等事實爲遺傳分析析出法 (Partitioning method of genetic analysis) 被演譯出來之基本前提[3]。而所謂遺傳分析析出法簡言之，乃就目標性狀之實測 (Observed) 頻度分布之表現，先假設該性狀之遺傳模式，次基此模式逐步析出各因子型之頻度分布，最後再由實測頻度分布與由擬說推定而得之預測 (Calculated) 頻度分布行卡方 ($x^2$) 純質性測驗其假設遺傳模式之有效性，並計算各因子對作用之大小 (Magnitudes of gene effects) 及其各式交感，藉以明瞭該性狀之遺傳機制[8]。

有關此遺傳分析析出法及其在植物遺傳育種上之若干應用情形，Powers 氏曾有專著立論[3,10]，而實際應用於作物遺傳研究則有：蕃茄果實重量及開花期之分析[8,9]；大豆數量性狀之遺傳研究[11,12]；大麥之株高[4]；玉米之成熟期[5]；水稻之株高[2,6]及穗長[7]之遺傳等等。

水稻穀粒之粒長爲關係稻穀外貌之一重要性狀，著者[1]曾以世代平均值分析 (Analysis of generation mean) 法研究稻穀性狀之遺傳，指出在 Mira×Norin 20 組合中，控制穀粒長之有效因子對可能有 2 對；且穀粒短者對穀粒長者爲部份顯性；而因子效應則除累加性及顯性成分外，並有非相對性因子之交感成分存在。本文則應用遺傳分析析出法之理論與實際，從另一層面探討水稻穀粒長之有效因子對數之遺傳假說、各因子對作用之大小及各式交感作用之效應大小。

## 材料與方法

以長粒種 Mira 爲父本 ($P_1$)，以短粒種Norin 20 號爲母本 ($P_2$) 之 $P_1$、$P_2$、$F_1$ 及 $F_2$ 等 4 個集團爲材料。1981年一期作，每單株之穀粒長爲度量各單株逢機 500 粒充實良好稻穀中任 5 粒稻穀粒長

1.臺灣省農業試驗所 研究報告第1066號。文承何惠小姐斧正，謹表謝忱。

2.本所農藝系助理研究員。臺灣省 臺中縣 霧峰鄉。

之均值。用以度量穀粒長之器具爲精確度達 0.01 mm 之日製 Teclock 牌粒型測定器（Grain shape tester）。至於控制穀粒長之遺傳假說及析出過程之演算則按 Leonard *et al*[4] 及 Mohamed and Hanna[7] 之方法進行。

## 結　果

利用遺傳分析析出法來研究任一連續性性狀（Continous character）之第一個步驟是判定該性狀之變異性（Variability）係呈算術性尺度（Arithmetic scale），抑屬幾何性尺度（Geometric scale）及進行 $F_2$ 集團該性狀頻度分布之常態性測定以爲擬定遺傳模式之初步依據。

表 1. 水稻 Mira×Norin 20 組合兩親、$F_1$ 及 $F_2$ 集團粒長之實測與理論頻度分布及實測均值、均方與標準機差

**Table 1.** Means, mean squares, standard errors and observed and theoretical frequency distributions for grain length of the parents, $F_1$ and $F_2$ populations in the Mira×Norin 20 cross in rice.

| Population | $\bar{X}$ | $S^2$ | S | Frequency distribution in number Class center 7.50 | 7.70 | 7.90 | 8.10 | 8.30 | 8.50 | 8.70 | 8.90 | 9.10 | 9.30 | 9.50 | 9.70 | 9.90 | 10.10 | 10.30 | Total |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Mira ($P_1$) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Observed | 9.68 | 0.0329 | 0.18 | | | | | | | | | | 3 | 21 | 41 | 10 | 3 | 2 | 80 |
| Theoretical | | | | | | | | | | | | | 5 | 22 | 33 | 16 | 3 | 1 | 80 |
| Norin 20($P_2$) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Observed | 7.77 | 0.0266 | 0.16 | 13 | 39 | 21 | 7 | | | | | | | | | | | | 80 |
| Theoretical | | | | 13 | 34 | 27 | 7 | | | | | | | | | | | | 80 |
| $F_1$generation | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Observed | 8.46 | 0.0129 | 0.11 | | | | | 10 | 25 | 5 | | | | | | | | | 40 |
| Theoretical | | | | | | | | 12 | 24 | 4 | | | | | | | | | 40 |
| $F_2$generation | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Observed | 8.57 | 0.2105 | 0.46 | 7 | 22 | 36 | 90 | 146 | 174 | 73 | 97 | 66 | 29 | 20 | 11 | 6 | 3 | 1 | 781 |
| Theoretical | | | | 14 | 24 | 48 | 80 | 96 | 143 | 127 | 103 | 72 | 38 | 19 | 10 | 4 | 2 | 1 | 781 |

Note : The value of chi square test of goodnses of fit for normality of grain length data in $F_2$ population is $X^2=63.08$ ($P<0.01$, for 8 degree of freedom).

表 1 爲各集團稻穀粒長之平均、均方、標準機差及實測分布與理論之常態分布，至於 $F_2$ 集團穀粒長實測分布與理論常態分布之卡方適合度測驗則附於表 1。按 Leonard *et al*.[4] 及 Mohamed and Hanna[7] 之理論與實際，假若 $F_1$ 穀粒長之數據符合算術尺度，則在取樣機差之容許範圍下，$F_1$ 集團穀粒長之平均應等於兩親本之中間值（8.73 mm），本研究之數據並不符合此種情況（$p<0.01$）。另一方面，若穀粒長之遺傳變異性屬幾何尺度者，則 $F_1$ 之理論粒長平均應爲 8.67 mm，與表 1 所示 $F_1$ 實測穀粒長之平均 8.46 mm 亦有極顯著之差異存在。亦即控制穀粒長之基因作用（Gene effect）並未符合前述算術與幾何等兩個尺度中之任一個。另 Mira（$P_1$）之實測穀粒長平均爲 9.68±0.18 mm, Norin 20（$P_2$）者僅 7.77±0.16 mm，其差異爲 1.91±0.24 mm，達極顯著水準。$F_1$ 集團穀粒長之平均爲 8.46±0.11 mm，低於兩親中間值而略偏向短穀粒親本（$P_2$）之實測穀粒長平均。據

此 $F_1$ 集團穀粒長平均之未符合任一尺度及低於兩親中間值之事實，可推定本研究供試水稻材料中，短穀粒對長穀粒爲部份表現型及遺傳型顯性 (Partial phenotypic and genetypic dominance)；同時因子內及因子間之交感作用亦可能存在。$F_2$ 集團穀粒長頻度分布常態性之適合度測定的卡方 ($x^2$) 極顯著，表示 $F_2$ 集團穀粒長之實測頻度分布並非常態分布。據此 $F_2$ 集團穀粒長之實測頻度分布與理論常態分布不符之事實可判定 $F_2$ 集團穀粒長之遺傳變異性亦屬非常態。因此，$F_2$ 集團可想像爲各遺傳型之組合，且同遺傳型之諸個體則常態變動於各該共同均值附近。

**表 2.** 水稻 Mira×Norin 20 組合兩親、$F_1$ 及 $F_2$ 集團以百分比表示之實測頻度分布

**Table 2.** Frequency distributions of observed data of the parents, $F_1$ and $F_2$ populations of Mira×Norin 20 cross in rice expressed as percentage.

| Population | Frequency distribution in percentage Class center | | | | | | | | | | | | | | | Total plants |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 7.50 | 7.70 | 7.90 | 8.10 | 8.30 | 8.50 | 8.70 | 8.90 | 9.10 | 9.30 | 9.50 | 9.70 | 9.90 | 10.10 | 10.30 | |
| Mira | | | | | | | | | | 3.75 | 26.25 | 51.25 | 12.50 | 3.75 | 2.50 | 80 |
| Norin 20 | 16.25 | 48.75 | 26.25 | 8.75 | | | | | | | | | | | | 80 |
| $F_1$ | | | | | 25.00 | 62.50 | 12.50 | | | | | | | | | 40 |
| $F_2$ | 0.90 | 2.82 | 4.61 | 11.52 | 18.69 | 22.28 | 9.35 | 12.42 | 8.45 | 3.71 | 2.56 | 1.41 | 0.77 | 0.38 | 0.13 | 781 |

由表 1 及表 2 可明顯地看出，$F_2$ 集團穀粒長之頻度分布爲單峰 (Unimodal)，高峰發生在 8.50 mm 組中，與 $F_1$ 集團者一致，而若將 7.50 mm 至 8.10 mm 組之各組頻度加起來時約達 19.85%，另 8.30 mm 至 10.30 mm 組之各組頻度和則爲 80.15%，此種分離情況並未符合 1：3 之分離比，但基於 $F_1$ 集團穀粒長之表現顯示穀粒短者對長者呈部份顯性，故據此 $F_2$ 集團穀粒長之分離比例，吾人得據而初步設定供試材料兩親穀粒長之差異是由一對有效因子 (One effect factor) 所支配。

但事實上，$F_2$ 集團穀粒長之頻度分布分成長短兩羣後，短穀粒羣之高峰在 8.10 mm 組，與短穀粒親本之高峰在 7.70 mm 組者不一致；而長穀粒羣之高峰落在 8.50 mm 組，亦與長穀粒親本之高峰在 9.70 mm 組不同，此等事實顯示兩親本稻穀粒長之差異至少受一對以上之有效因子所支配。因此最簡單可能之遺傳假說 (Genetic hypothesis) 乃兩親本稻穀粒長之差異是由兩對有效因子所支配。而在這種遺傳假說下，再檢討 $F_1$ 及 $F_2$ 集團與兩親穀粒長之頻度分布特徵，乃初步設定長穀粒親本 Mira ($P_1$) 之基因型是 *aabb*；短穀粒親本 Norin 20 ($P_2$) 之基因型爲 *AABB*；$F_1$ 之基因型則爲 *AaBb*。

根據孟德爾遺傳定律可知，研究中 $F_2$ 集團穀粒長之頻度分布是由其 9 種成分基因型之各該穀粒長的頻度分布所組合而成。而前已述知，短穀粒對長穀粒爲部份顯性，且尚有因子間及因子內之交感作用存在，故所有各成份基因型之表現理應各自不同，亦即各成分基因型之所有個體應常態變動於各該均值附近。故以 $P_1$、$P_2$ 及 $F_1$ 之頻度分布爲基礎，將 $F_2$ 集團穀粒長之頻度分布劃分爲成分基因型之餘額 (Balance) 頻度分布（表 3）。而實際上餘額頻度分布係由 *AABb*、*AaBB*、*AAbb*、aaBB、Aabb 及 aaBb 等六個基因型之小頻度分布所組成，故進一步將餘額頻度分布析分爲上述 6 個基因型之各該穀粒長之小的實測頻度分布（表 4）。

表 3. 以兩親及 $F_1$ 集團頻度分布爲基礎的 $F_2$ 頻度分布之析出

**Table 3.** Partitioning the $F_2$ frequency disrtibution on the basis of the frequency distributions of the parents and $F_1$ populations.

| Population | Frequency distribution in percentage Class center | | | | | | | | | | | | | | | Theoretical percentage in $F_2$ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 7.50 | 7.70 | 7.90 | 8.10 | 8.30 | 8.50 | 8.70 | 8.90 | 9.10 | 9.30 | 9.50 | 9.70 | 9.90 | 10.10 | 10.30 | |
| $F_2$ (AABB--aabb) | 0.90 | 2.82 | 4.61 | 11.52 | 18.69 | 22.28 | 9.35 | 12.42 | 8.45 | 3.71 | 2.56 | 1.41 | 0.77 | 0.38 | 0.13 | 100.00 |
| Mira (aabb) | | | | | | | | | | 0.23 | 1.64 | 3.20 | 0.78 | 0.23 | 0.16 | 6.25 |
| Norin 20 (AABB) | 1.02 | 3.05 | 1.64 | 0.55 | | | | | | | | | | | | 6.25 |
| $F_1$ (AaBb) | | | | | 6.25 | 15.63 | 3.13 | | | | | | | | | 25.00 |
| Balance (AABb AaBB AAbb aaBB Aabb aaBb) | −0.12 | −0.23 | 2.97 | 10.97 | 12.44 | 6.55 | 6.22 | 12.42 | 8.45 | 3.48 | 0.92 | −1.79 | −0.01 | 0.15 | −0.03 | 62.50 |

表4. 餘額基因型之頻度分布

**Table 4.** Frequency distributions of the balance genotypes.

| Genotype | Class center | | | | | | | | | | | | | | | $\bar{x}$ | Total per cent |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 7.50 | 7.70 | 7.90 | 8.10 | 8.30 | 8.50 | 8.70 | 8.90 | 9.10 | 9.30 | 9.50 | 9.70 | 9.90 | 10.10 | 10.30 | | |
| AABb | −0.90 | −1.77 | 23.46 | 88.86 | | | | | | | | | | | | 8.07 | 13.59 |
| AaBB | | | | | 103.25 | | | | | | | | | | | 8.30 | 12.44 |
| AAbb | | | | | | 56.53 | | | | | | | | | | 8.50 | 6.55 |
| aaBB | | | | | | | 54.11 | | | | | | | | | 8.70 | 6.22 |
| Aabb | | | | | | | | 110.54 | | | | | | | | 8.90 | 11.42 |
| aaBb | | | | | | | | | 76.90 | 32.36 | 8.74 | −17.63 | −0.10 | 1.52 | 0.31 | 9.09 | 11.17 |

至此，已將供試材料 $F_2$ 集團穀粒長之實測頻度分布，依 Powers [8] 及 Leonard *et al.* [4] 之理論與實際劃分成以各該基因型穀粒長之平均爲中心之小的實測頻度分布，亦即根據暫設之遺傳假說行成分基因型穀粒長頻度分布之析出工作已完成。故接下來是測驗遺傳假說之有效性，以確定此遺傳假說之是否被接受。而爲了測定 $F_1$ 集團穀粒長之實測頻度分布是否符合兩對有效因子控制之理論 $F_2$ 集團穀粒長之頻度分布，遂利用各成分基因型穀粒長之平均（表 4）及各成分基因型之標準機差以估計在本研究中所擬遺傳假說之前提下，供試 $F_2$ 集各成分團基因型穀粒長之理論頻度分布（表 5）。

表 5. 以百分比表示之$F_2$集團理論頻度分布之估值

**Table 5.** Estimation of theoretical frequency distribution of the $F_2$ population exqresses as percentage.

| Genotype | Frequency distribution in percentage Class center | | | | | | | | | | | | | | | Mean | S | Theoretical percentage $F_2$ population |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 7.50 | 7.70 | 7.90 | 8.10 | 8.30 | 8.50 | 8.70 | 8.90 | 9.10 | 9.30 | 9.50 | 9.70 | 9.90 | 10.10 | 10.30 | | | |
| AABB ($P_2$) | 16.25 | 48.75 | 26.25 | 8.75 | | | | | | | | | | | | 7.77 | 0.16 | 6.25 |
| AABb | 0.29 | 5.30 | 28.50 | 43.55 | 19.74 | 2.52 | 0.01 | | | | | | | | | 8.07 | 0.17 | 12.50 |
| AaBB | | 0.16 | 3.76 | 23.84 | 44.48 | 23.84 | 3.76 | 0.16 | | | | | | | | 8.30 | 0.17 | 12.50 |
| AAbb | | | 0.16 | 3.76 | 23.84 | 44.48 | 23.84 | 3.76 | 0.16 | | | | | | | 8.50 | 0.17 | 6.25 |
| AaBb ($F_1$) | | | | | 25.00 | 62.50 | 12.50 | | | | | | | | | 8.46 | 0.11 | 25.00 |
| aaBB | | | | 0.16 | 3.76 | 23.84 | 44.48 | 23.84 | 3.76 | 0.16 | | | | | | 8.70 | 0.17 | 6.25 |
| Aabb | | | | | 0.16 | 3.76 | 23.84 | 44.48 | 23.84 | 3.76 | 0.16 | | | | | 8.90 | 0.17 | 12.50 |
| aaBb | | | | | | 0.33 | 5.04 | 25.48 | 42.05 | 22.82 | 4.04 | 0.23 | | | | 9.09 | 0.18 | 12.50 |
| aabb ($P_1$) | | | | | | | | | | 3.75 | 26.25 | 51.25 | 12.50 | 3.75 | 2.50 | 9.68 | 0.18 | 6.25 |
| Theoretical $F_2$[a] | 1.05 | 3.72 | 5.68 | 9.20 | 16.02 | 23.70 | 11.48 | 10.49 | 8.54 | 3.33 | 2.17 | 3.23 | 0.78 | 0.23 | 0.15 | | | 100.00 |

[a]Essentially on $F_2$ reconstituted from the partitioned components.

表 6 爲供試 $F_2$ 集團稻穀粒長之實測頻度分布，理論頻度分布及依 Powers [8] 及 Leonard *et al.* [4] 之理論由實測與理論頻度分布各依 0.5 : 0.5 比例估得之預測頻度分布。而此預測頻度分布爲用以與實測頻度行卡方 ($x^2$) 純質性測驗以判定遺傳假說有效性之頻度分布。而由表 6 知，供試 $F_2$ 集團穀粒長之實測頻度分布與理論 $F_2$ 集團穀粒長之理論頻度分布的卡方 ($x^2$) 純質性測驗之實測$x^2$ 值爲 12.524，其自由度爲 8，發生機率介於 0.20—0.10 之間，表示供試 $F_2$ 集團穀粒長之實測頻度分布，與根據設定之遺傳假說行種種成分基因型析出後所估得之理論頻度分布完全符合，因之，遂接受前所設定之遺傳假說，亦即試兩供親本 Mira 與 Norin 20 稻穀粒長之差異是受兩對有效因子所支配。

表 6. 實測與理論 $F_2$ 集團之卡方純質性測定

**Table 6.** Chi square test for homogeneity between the observed and theoretical $F_2$ population.

| Population | Frequency distribution in number Class center | | | | | | | | | | | | | | | Total |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 7.50 | 7.70 | 7.90 | 8.10 | 8.30 | 8.50 | 8.70 | 8.90 | 9.10 | 9.30 | 9.50 | 9.70 | 9.90 | 10.10 | 10.30 | |
| Observed[a] | 7 | 22 | 36 | 90 | 146 | 174 | 73 | 97 | 66 | 29 | 20 | 11 | 6 | 3 | 1 | 781 |
| Theoretical[b] | 8 | 29 | 44 | 72 | 126 | 185 | 90 | 82 | 67 | 26 | 17 | 25 | 6 | 3 | 1 | 781 |
| Calculated | 7.5 | 25.5 | 40.0 | 81.0 | 136.0 | 179.5 | 81.5 | 89.5 | 66.5 | 27.5 | 18.5 | 18 | 6 | 3 | 1 | 781 |

$X^2=12.524$ $P=0.20-0.10$, for 8 degree freedom.

[a]Observed data from Table 1.

[b]Theoretical data obtained from Table 5 by multiplication of each percentage theoretical $F_2$ by total number in population(781). This essentially is a reconstituted by addition to the partitioned components.

表 7. 水稻各粒長集團之理論值

**Table 7.** Theoretical value for the grain length populations in rice.

| Genotype | Mean | Theoretical number individuals | Theoretical proportion | |
|---|---|---|---|---|
| | | | percent | ratio |
| AA BB | 7.77±0.023 | 49 | 6.25 | 1 |
| Bb | 8.07±0.017 | 98 | 12.50 | 2 |
| bb | 8.50±0.024 | 49 | 6.25 | 1 |
| Aa BB | 8.30±0.017 | 98 | 12.50 | 2 |
| Bb | 8.46±0.008 | 195 | 25.00 | 4 |
| bb | 8.90±0.018 | 98 | 12.50 | 2 |
| aa BB | 8.70±0.025 | 49 | 6.25 | 1 |
| Bb | 9.09±0.018 | 98 | 12.50 | 2 |
| bb | 9.68±0.026 | 49 | 6.25 | 1 |

表 8. 不同基因型之主效應及因子交感

**Table 8.** Main effects and factor interaction for the different genotype

| | Main effect | | |
|---|---|---|---|
| Aa gene pair : | BB | Bb | bb |
| 1st estimate (Aa−AA) | 0.53**±0.029 | 0.39**±0.019 | 0.40**±0.030 |
| 2nd estimate (aa−Aa) | 0.40**±0.030 | 0.63**±0.020 | 0.78**±0.032 |
| Bb gene pair : | AA | Aa | aa |
| 1st estimate (Bb−BB) | 0.30**±0.029 | 0.16**±0.019 | 0.39**±0.031 |
| 2nd estimate (bb−Bb) | 0.43**±0.029 | 0.44**±0.020 | 0.59**±0.032 |
| | Interaction (a) Intra-allelic | | |
| As gene pair | BB | Bb | bb |
| (aa−Aa)−(Aa−AA) | −0.13**±0.042 | 0.24**±0.028 | 0.38**±0.44 |
| Bb gene pair | AA | Aa | aa |
| (bb−Bb)−(Bb−BB) | 0.13**±0.041 | 0.28**±0.028 | 0.20**±0.045 |
| | (b) Inter-allelic | | |
| 1st estimate (Aa−AA) | Bb−BB | bb−Bb | |
| | −0.14**±0.035 | $0.01^{ns}$±0.036 | |
| 2nd estimate (aa−Aa) | 0.23**±0.036 | 0.15**±0.038 | |

最後再利用 Leonard *et al* [4] 及 Mohamed and Hanna [7] 之估算方法由 $F_2$ 集團中各成份基因型穀粒長之平均及平均之標準機差（表 7），計算各因子作用之大小及種種交感作用（表 8）。由表 8 知，*Aa* 因子對之效應在 *BB*、Bb 及 bb 等三種不同之遺傳背景 (Genetic background) 下，其作用之大小雖相近但不等；而 *Bb* 因子對之效應在 *AA*、*Aa* 及 *aa* 等三類不同遺傳背景下作用之大小亦有差異。而 *Aa* 因子對之第一次及第二次估計在 *BB*、*Bb* 及 *bb* 等三種遺傳背景下之效應均較 *Bb* 因子對者在 *AA*、*Aa* 及 *aa* 等三種遺傳背景下的效應爲大，約達 1.5 倍左右，至於 *Aa* 對及 *Bb* 對之因子內交感效應，則兩者似有相同之變異，均呈 *Aa* 對在 *BB*、*Bb* 及 *bb*；*Bb* 對在 *AA*、*Aa* 及 *aa* 等三類遺傳背景下皆有若干不同程度之因子內交感現象。另，因子間之交感作用則除 *Aa* 對之第一次估計與 *Bb* 對之第二次估計之交感值不顯著外，餘均極顯著。唯綜言之，因子間之交感效應是存在的。

## 討　論

所謂遺傳分析析出法是奠基於任何分離集團之頻度分布可析離成其各成分基因型之頻度分布，然後經由實測與理論平均、頻度分布及均方之比較以達成遺傳假說有效性之測定 [8]。本研究經按 Leonard *et al* [4] 及 Mohamed and Hanna [6,7] 之理論與實際行析出，結果獲知兩親本 Mira 及 Norin 20 稻穀粒長之差異是受兩對有效因子對之支配，此結果與前報 [1] 藉兩種估算方法估得之控制

穀粒長有效因子對之對數爲兩對之報告相符。研究中曾將兩親 Mira 及 Norin 20 之基因型依次分別訂爲 *aabb* 及 *AABB*，同時亦發現 *Aa* 因子對對稻穀粒長之支配力大約爲 *Bb* 因子對之1.5倍左右。此結果顯示數量因子系統中，各因子對之效應並非均同。

據 Powers (1939, cf. 7) 之理論，若對立因子 *A* 與 *a* 間無顯性關係時，則因子內交感效應項下 $(aa-Aa)-(Aa-AA)$ 於 *BB*、*Bb* 及 *bb* 等三種遺傳背景下之任一估值將與零無顯著之差異存在。而本研究之估算結果發現 $(aa-Aa)-(Aa-AA)$ 於 *BB*、*Bb* 及 *bb* 等三種遺傳背景下之任一估值均顯著地異於零，此結果初步指出對立因子 *A* 與 *a* 間具顯性關係；同時主效應項下 $Aa-AA$ 之估值在 *BB*、*Bb* 及 *bb* 等三種遺傳背景下之估值亦顯著地異於零，此結果則進一步指出對立因子對 *A* 對 *a* 爲不完全顯性，故知支配短穀粒之因子 *A* 對控制長穀粒長之對立因子 *a* 爲部份顯性。另，基於相同之理由，亦可從表 8 中有關對立因子對 *B* 與 *b* 之諸種估值而推定，支配短穀粒之 *B* 因子對控制長穀粒之對立因子 *b* 亦呈部份顯性。

經藉主效應項下 $Aa-AA$ 或 $aa-Aa$ 在 *BB*、*Bb* 及 *bb* 等三種遺傳背景下之估值均顯著，顯示因子 *A* 與其對立因子，*a* 間有相當顯著之基因置接效應 (Effect of gene substitution)，此亦即對立因子 *Aa* 間之顯性效應所致，也就是在各基因型之遺傳背景下因子 *A* 對其對立因子 *a* 有相當程度之部份顯性。此由主效應來推定對立因子 *Aa* 間之顯隱關係，與由因子內交感效應之推定結果異曲而同功。又因爲 $Aa-AA$ 或 $aa-Aa$ 在 *BB*、*Bb* 及 *bb* 等三種遺傳背景下之估值雖相近（表 8 主效應項下）但不均同（表 8 因子間交感項下），顯示對立因子 *Aa* 之置換效應在不同基因型內對稻穀粒長之影響並非相同。另，對立因子 *Bb* 對之基因置換效應在各基因型內支配稻穀粒長之效應的變異趨勢與對立因子對 *Aa* 者相似，但 $Aa-AA$ 與 $Bb-BB$ 或 $aa-Aa$ 與 $bb-Bb$ 在各該對應之遺傳背景下的估值概不同。表示此兩對有效因子對並非重覆 (Duplicate) 基因。綜合言之，由交感效應的數據可獲知，有關對立因子 *A* 與 *a* 間及 *B* 與 *b* 間之顯性程度視各該基因型遺傳背景之不同而互異；而支配稻穀粒長之基因置換效應的變異亦然。

據 Powers[10] 之理論，當供試材料親本間控制各該目標性狀之有效因子對數增多時，不僅計算繁雜，析出劃分困難，且依本法所作之遺傳假說之可信性將隨有效因子對數之相對增加而相對低減；同時，供目標性狀劃分析出之供試集團的個體數亦須有相當之數目，否則結論之有效性亦可能相對減少，而本研究中有效因子對數之設定頗爲簡單，控制稻穀粒長變異之遺傳假說爲兩對有效因子對；同時，研究中用爲目標性狀劃分析出之供試材料 $P_1$、$P_2$、$F_1$ 及 $F_2$ 等 4 個集團之個體數，則兩親本及 $F_1$ 集團個體數約爲 Leonard *et al*[4]、Mohamed and Hanna[6,7] 及嚴[2] 等學者專家之 2—8 倍，$F_2$ 集團之個體數則約爲前述學者之 2—5 倍。故本研究中所述之結果推定應有相當之確實性。

## 引用文獻


1. 郭益全、謝順景・1982・稻穀粒性狀之遺傳研究。中華農業研究31(3)：177—186.
2. 嚴盛添・1968a. 利用 partitioning method 分析水稻株高之遺傳。農業研究 17(2)：1—6。
3. 嚴盛添・1968b. 析出法遺傳分析和一此應用於植物育種上的情形。科學農業16 (1,12) ：322—32.
4. Leonard, W. H., H. O. Mann and L. Power. 1957. Partitioning method of genetic analysis applied to plant height inheritance in barley. Colorado Agr. Exp. Sta. Tech. Bull. 60.
5. Mohamed, A. H. 1959. Inheritance of quantitative characters in *Zea Mays*. I. Estima tion of the number of genes controlling the time of maturity. Genetics 44 : 713-724.
6. Mohamed, A. H. and A. Hanna. 1964. Inheritance of quantitative characters in rice. I. Estimation of the number of effective factor pairs controlling plant height. Genetics 49 : 81-93.
7. Mohamed, A. H. and A. Hanna. 1965. Inheritance of quantitative characters in rice. II. Inheritance

of panicle length. Can. J. Genet. Cytol. 7 : 406-417.

8. Powers, L. 1950. Gene analysis of weight per locule in tomato hybrids. Bot. Gaz. 112 : 163-174.
9. Powers, L. 1951. Gene analysisby the partitioning method when interaction of gene are involved. Bot. Gaz. 113 : 1-23.
10. Powers, L. 1963. The partitioning method of genetic analysis and some aspects of its application to plant breeding. Natl. Acad. Sci.-Natl. Res. Council Publ. 982 : 280-318.
11. Thseng, F. S. and S. Hosokawa. 1972. Genetic studies on quantitative characters in soybean. V. Estimation of gene number and gene action for the date of flowering and maturity. Japan. J. Breed. 22 : 313-322.
12. Thseng, F. S. and S. Hosokawa. 1973. Genetic studies on quantitative characters in soybean. VI. Gene number and gene effects for certain agronomic characters. J. Facul. Agr. 57 : 194-227. (Hokkaido Univ., Sapporo).

# Genetic Studies on Grain-Length by Partitioning Method in Rice[1]

Y. C. Kuo[2]

## Summary

Two rice varie varieties, Mira ($P_1$) and Norin 20 ($P_2$) were crossed for determining the number of effective factor pairs controlling grain length. It was found by applying the partitioning method of genetic analysis that the two parents were differentiated by two effctive factor pairs. The data indicated the existence of partial phenotypic dominance for shoter length of grain ($P_2$) over longer one ($P_1$).

The genotypes of Mira and Norin 20 were symbolized as *aabb* and*AABB* respectively. In studing factor interactions it was found that factor *A* exhibited a higher degree of partial dominance over its allele *a* in all genotypes. However, the dominance relations between *B* and its allele *b* were not consistent for the different genotypes. In substitution of *a* for *A*, the different genotypes did not have the same effect upon grain-length as did the substitution of *b* for *B* in the corresponding genotypes. It follows that these two factor pairs are not duplicates. The conclusion drawn was that the degree of dominance with regard to both *A* and *a*; and *B* and *b* was dependent upon the genetic background.

1. Contribution No. 1066 from the Taiwan Agricultural Research Institute.

2. Assistant Agronomist, Department of Agronomy, TARI, Wufeng, Taichung Hsien, Taiwan, 431, ROC.