栽培水稻秈、粳型雜交後代族群基因頻度的變化[1]

許志聖[2] 陳有富 柯學儒 白鏹[3]

摘 要

秈、粳稻雜交由於秈、粳型品種間生殖隔離之障礙，常使雜交F_1產生高度不稔，F_2世代農藝性狀的變異性產生偏歪現象，使得育種選拔產生困擾。本研究以長護穎與無葉耳、葉舌二個外表型性狀及酸性磷酸酶*Acp-1*基因座、過氧化酶*Pox-1*基因座二個同功酶性狀作爲調查性狀，藉以究明水稻雜交後代族群基因頻度的變化，結果顯示：所有性狀在秈、粳雜交後代族群基因頻度的分布上，均有產生與理論分布偏歪的現象，其中又以與秈、粳分化有關的酸性磷酸酶*Acp-1*基因座在秈、粳雜交後代族群基因頻度的分布產生的偏歪較大。

關鍵字：秈粳雜交、基因頻度、同功酶。

前 言

亞洲栽培稻*O. sativa*普遍栽培於世界各地，變異也極繁多，而各學者依雜種不稔性[16]、血清反應診斷[15](serodiagnosis)等現象，將*O. sativa*區分爲印度型(indica)、日本型[15,16](japonica)或秈、粳[29]型或大陸型、島型[18]或印度型、日本型、爪哇型[10]等。此種品種群之分化爲一元性起源(monophyletic origin)，即由*O. perennis*因地理隔離、重複基因(duplicate gene)隱性突變之聚集，經多年之馴化、適應而分化成形態及對環境反應各有趨向而類緣漸遠之兩品種群[20]。品種群間除了其形態、生理、生態及物化特性各有差異外，亦有不同程度的生殖隔離[12]，致在以遠源雜交欲擴大物種的基因庫(gene pool)或要在其雜交後代的遺傳變異中，選育優良品系之育種工作，有著相當大的困擾。

秈、粳稻雜種的不稔性是由於品種群染色體潛在構造差異所引起[14,28]或基因的變化所引起[19]，導致秈、粳稻雜交F_1有高度的不稔性，而F_2族群農藝性狀之變異性分布亦有偏歪的現象[2,3,6]。近年來由於蛋白質分析技術及同功酶(isozyme)研究之進步，提供吾人較直接研究基因與遺傳現象之工具。基於此，本研究採用二個外表型性狀基因座與二個同功酶基因座作爲調查基準，研究秈、粳雜交與粳型間雜交後代族群基因頻度之變化，作爲育種上之應用參考。

---

[1] 台中區農業改良場研究報告第 0354 號。

[2] 台中區農業改良場助理研究員。

[3] 國立中興大學農藝研究所前研究生、前研究生及教授。

材料與方法

供試材料

本研究所使用之栽培稻品種(系)其來源及基因型均列於表一，參試之3個品種(系)中，包含一個粳稻與二個秈稻，其所包含之基因座有長護穎(long sterile lemmas)基因座(*g-1*)、無葉耳、葉舌(liguleless)基因座(*lg*)、酸性磷酸酶*Acp-1*基因座及過氧化酶*Pox-1*基因座，每個品種(系)均含有該四個相同或相異之基因。

表一、供試品種之基因型
Table 1. Genotype of tested varieties

Code number	Variety	Origin	Type	Genotype			
				g-1	*lg*	*Acp-1*	*Pox-1*
IG-T65	Near isogenic line of Taichung 65	Taiwan	Japonica	*g-1*	*lg*	+9	2A
108	Pai-K'o	Taiwan	Indica	*G-1*	*Lg*	-4	2A
9617	R.T.S. 4	Vietnem	Indica	*G-1*	*Lg*	-4	OC

雜交用親本均先經外表型性狀及電泳鑑定其爲同質接合(homozygous)，再進行雜交。雜交時以具有長護穎(*lg*)及無葉耳、葉舌性狀(*g-1*)之台中65號近同源系IG-T65爲父本，分別與具有短護穎(*Lg*)及有葉耳、葉舌性狀(*G-1*)，且在電泳酶譜上與IG-T65不同之二個秈稻品種(108與9617)進行雜交。所得之F_1個體依外表型性狀及電泳酶譜檢視其雜交成功與否，並繁殖F_2族群。

各雜交組合之F_2族群於田間種植400株，調查其外表型性狀與電泳酶譜性狀，收穫時全部收穫。F_3族群則於F_2族群全部收穫後之種子，採分段取樣法而得，仍於田間種植400株，並調查外表型性狀與電泳酶譜性狀。F_4族群依上述方式種植並調查。

試驗方法

同功酶電泳分析採用澱粉凝膠水平電泳法(starch gel horizontal electrophoresis)[24,25]，調查樣品以各雜交組合之F_1個體至F_4族群的單株爲單位，取插秧後一個半月至抽穗期的葉鞘爲材料，鮮用或貯存於零下20±1℃的冰櫃中備用，每一個體的調查均重複兩次。

各雜交組合之F_2至F_4族群，均進行外表型性狀與電泳酶譜分析，計算其分離比，以適合度測驗(x^2法)檢定其分離型式。以自交作物之雜交後代族群而言，當自交作物之自交後代數增加時，其異質接合(heterozygous)個體減少，而同質接合個體必隨之增加。因此理論上，就一對基因而言，呈顯隱性關係時，其F_2族群之分離比應爲3:1，F_3族群應爲5:3，F_4族群爲9:7；若呈共顯性關係時，其F_2族群之離比爲1:2:1，F_3爲3:2:3，F_4爲7:2:7。若將各雜交組合之F_2至F_4族群之各項外表型及電泳酶譜調查資料以適合度之卡方測驗(x^2法)測定，即可了解該基因座實際分離比與理論分離比之差異。

結　果

長護穎性狀外表型頻度在不同雜交組合的各世代間的變化

本研究中所使用的長護穎性狀之遺傳爲一對隱性基因所控制之遺傳行爲，參試之五個品種中，台中65號近同源系IG-T65含有此隱性基因同質結合體，而與其雜交之二個秈稻品種均含其相對之顯性短護穎基因同質接合體，理論上而言，雜交後F_1個體外表型均爲顯性之短護穎，F_2世代外表型短護穎與長護穎分離比爲3:1，F_3世代爲5:3，F_4世代爲9:7。依此檢視本研究中二個雜交組合的F_2世代均符合理論分離比，而F_3世代中，有9617×IG-65之雜交組合符合理論之分離比，而另108×IG-T65的雜交組合則產生頻度分布較偏向顯性短護穎性狀之現象；F_4世代中，各雜交組合之外表型比例亦偏向顯性短護穎性狀上。由此顯示出，長護穎之隱性外表型性狀於雜交後代外表型比例有產生偏向顯性短護穎性狀的分佈偏歪現象。

表二、不同雜交組合第二代至第四代間長護穎性狀外表型頻度之變化

Table 2. Phenotype frequencies variation within the F_2 to F_4 in the long sterile lemmas characteristics of different crosses

Cross recombination	Population	No. of plants	Phenotype		Expected segregation ratio of population		x^2 (probability)
			Short sterile lemmas	Long sterile lemmas	Dominance	Recessive	
108 x IG-T65	F_2	379	292	87	3	1	0.74n.s.[1](0.3-0.5)
	F_3	394	311	83	5	3	44.70**[2](<0.01)
	F_4	357	243	114	9	7	19.70**(<0.01)
9617 x IG-T65	F_2	93	71	22	3	1	0.03n.s.(0.9-1.0)
	F_3	397	259	138	5	3	1.16n.s.(0.2-0.3)
	F_4	349	253	96	9	7	39.76**(<0.01)

[1] n.s.: Not significantly.

[2] **: Significant at 5% levels, respectively.

無葉耳、葉舌性狀外表型頻度在不同雜交組合的各世代間之變化

本研究中所使用的無葉耳、葉舌爲一對隱性基因所控制的遺傳行爲，參試之五個品種中，台中65號近同源系IG-T65含有此隱性基因同質接合體，而與其雜交之二個秈稻品種均含其相對之顯性有葉耳、葉舌基因同質接合體，因此其遺傳行爲與其後代外表型比例均與前述之長護穎性狀類似，F_2世代外表型有葉耳、葉舌與無葉耳、葉舌分離比應爲3:1，F_3世代爲5:3，F_4世代則爲9:7。本研究中之二個雜交組合的F_2至F_4世代外表型分離比如表三所示，其中亦以9617×IG-T65之雜交組合，F_2世代符合外表型理論分離比，至F_3世代產生外表型分佈偏歪現象；而108×IG-T65之雜交組合，在F_2世代中即產生外表型比例偏向顯性之現象，且隨著世代之增加，分佈愈偏向顯性有葉耳、葉舌性狀。由此顯示出，無葉耳、葉舌之隱性外表型性狀於雜交後代外表型比例有產生偏向顯性有葉耳、葉舌性狀之分佈偏歪現象，不同雜交組合有不同程度的分布偏歪，108×IG-T65之雜交組合最易產生分佈偏歪現象。

表三、不同雜交組合第二代至第四代間無葉耳葉舌性狀外表型頻度之變化

Table 3. Phenotype frequenceis variation within the F_2 to F_4 in the liguleless characteristics of different crosses

Cross recombination	Population	No. of plants	Phenotype		Expected segregation ratio of population		x^2 (probability)
			Ligules	Liguleless	Dominance	Recessive	
108 x IG-T65	F_2	379	310	69	3	1	8.97**[2](<0.01)
	F_3	394	295	99	5	3	25.21**(<0.01)
	F_4	357	268	89	9	7	50.62**(<0.01)
9617 x IG-T65	F_2	93	64	29	3	1	1.58n.s.[1](0.2-0.3)
	F_3	397	352	45	5	3	114.85** (<0.01)
	F_4	349	273	76	9	7	67.58**(<0.01)

[1,2] See Table 2.

酸性磷酸酶*Acp-1*酶譜頻度在不同雜交組合的各世代間之變化

酸性磷酸酶*Acp-1*基因座在栽培稻中有*Acp-1*$^{-4}$、*Acp-1*$^{+9}$與*Acp-1*^{Nul}三個等位基因，除*Acp-1*^{Nul}外，每一等位基因控制3條主條帶和3條副條帶；*Acp-1*^{Nul}基因對其他等位基因爲隱性，在酶譜之對應位置上不產生任何條帶，而*Acp-1*$^{-4}$與*Acp-1*$^{+9}$二個等位基因爲共顯性關係[(1,8,25)]。本研究中所採用之三個品種中，IG-T65具有*Acp-1*$^{+9}$基因之同質接合體，108與9617具有*Acp-1*$^{-4}$基因之同質接合體。108、9617與IG-T65兩個雜交組合後代酶譜有+9mm、-4mm及+9mm/-4mm等三種酶譜，其在F_2世代+9mm:+9mm/-4mm:-4mm之分離比爲1:2:1，F_3世代爲3:2:3，F_4世代則爲7:2:7。依此檢視各雜交組合各世代間之酶譜分佈情形(表四)，秈型稻108、9617與粳型稻IG-T65之兩雜交組合後代族群分佈之偏歪極大，F_2世代至F_4世代均不符合理論分離比，而僅9617×IG-T65之雜交組合的F_2世代酶譜分離比有傾向+9mm之現象外，其餘各雜交組合之各世代均有酶譜分離比偏向-4mm之現象，由此顯示出，酸性磷酸酶*Acp-1*基因座於雜交後代中，極易受到粳型與秈型雜交組合之影響，而產生酶譜分離比偏歪之現象。

表四、不同雜交組合第二代至第四代酸性磷酸酶 Acp-1 酶譜頻度之變化

Table 4. Zymogram frequencies variation within the F_2 to F_4 in the acid phosphatase *Acp-1* locus of different crosses

Code recombination	Population	No. of plants	Zymogram			Epected segregation ratio of population			x^2(probability)
			+9	+9/-4	-4	+9	+9/-4	-4	
108 x IG-T65	F_2	379	75	172	132	1	2	1	20.38**[2](<0.01)
	F_3	394	110	81	203	3	2	3	33.41**(<0.01)
	F_4	357	107	58	192	7	2	7	27.71**(<0.01)
9617 x IG-T65	F_2	93	39	43	11	1	2	1	92.23**(<0.01)
	F_3	397	86	122	189	3	2	3	45.58**(<0.01)
	F_4	349	103	72	174	7	2	7	37.60**(<0.01)

[2] See Table 2.

過氧化酶*Pox-1*酶譜頻度在不同雜交組合的各世代間之變化

過氧化酶*Pox-1*基因座上，栽培稻*O. sativa*普遍爲*Pox-1*^{2A}，僅少數品種爲*Pox-1*^{OC}和*Pox-1*^{Nul}，其中*Pox-1*^{Nul}爲不顯現任何條帶的缺失型，對*Pox-1*^{2A}和*Pox-1*^{OC}二個等位基因爲隱性，而*Pox-1*^{2A}與*Pox-1*^{OC}則爲共顯性，並有雜種條帶出現[1,4,24]。本研究所採用之三個品種中，108與IG-T65均爲含*Pox-1*^{2A}基因之同質接合體，而9617爲含有*Pox-1*^{OC}等位基因之同質接合體，因此，108×IG-T65之雜交組合後代酶譜均爲2A型酶譜一種，並無他種酶譜出現；而9617×IG-T65之雜交組合，其後代酶譜可分離爲2A型酶譜、2A型與OC型異型接合酶譜及OC型酶譜三種，在F_2世代之分離比爲1:2:1，F_3世代爲3:2:3，F_4世代則爲7:2:7。依此檢視本試驗所得之結果(表五)，9617×IG-T65之雜交組合F_2與F_3世代酶譜之分離比例均符合1:2:1及3:2:3之理論分離比，但在F_4世代酶譜之分離比例產生偏歪之現象，使得2A型與OC型之異型接合酶譜頻度較高，2A型與OC型酶譜頻度較低。顯示出：過氧化酶*Pox-1*於雜交後代中，酶譜分離比例較不易產生偏歪之現象。

表五、不同雜交組合第二代至第四代過氧化酶 Pox-*1* 酶譜頻度之變化

Table 5. Zymogram frequencies variation within the F_2 to F_4 in the peroxidase *Pox-1* locus of different crosses

Cross recombination	Population	No. of plants	Zymogram			Expected segregation ratio of population			x^2(probability)
			2A	2A/OC	OC	2A	2A/OC	OC	
9617 x IG-T65	F_2	93	24	45	24	1	2	1	0.10n.s.[1](<0.01)
	F_3	397	162	100	135	3	2	3	2.46n.s.(<0.1-0.2)
	F_4	349	147	60	142	7	2	7	7.11**[2](<0.01)

[1,2] See Table 2.

討　論

亞洲栽培稻*O. sativa*的起源，有學者認爲係由多年生的*O. rufipogon*經一年生之*O. nivara*演化而成[11]；亦有認爲由亞洲型之*O. perennis*演化而成[20]。在演化過程中，最初由於粳型稻對山地條件之適應性[23]，爾後更由於地理隔離、自然及人爲選拔、自交特性之加強等馴化過程中，可能使許多*O. perennis*的重複基因發生隱性突變並聚集而造成秈、粳型稻之生態型(ecotype)分化[20]，並造成對環境反應的不同傾向，至今更造成秈型及粳型品種間生殖隔離之障礙。生殖隔離障礙的現象有雜種F_1稔性低落，雜種F_1不能存活和雜種後代崩退等，其中以雜種F_1稔性低落之現象最　爲顯著[22]。造成秈、粳型品種之雜種F_1稔性低落原因，主要有三個假說：(1)由秈、粳型間染色體的差異所引起：如染色體倒置[14](inversion)或轉座[28] (translocation)，使品種在分化過程中產生染色體細微構造(cryptic structur)差異，而使其雜種F_1稔性低落。(2)由重複配子發育基因(duplicate gametic-development gene)控制：一組配子發育基因爲二對獨立的微效基因(polygene)所構成，秈、粳型品種於此二對微效基因各帶一隱性等位基因，雜交後之F_1，若其配子帶雙隱性等位基因者致死，因此造成F_1稔性低落之現象[19]。(3)由於細胞質與染色體組(genome)之不調合，使雜種F_1之配子發育不良，造成雜種F_1稔性低落[30]。目前在此三種假說中，以由重複配子發育基因的控制說法普遍受到認同。

由配子發育基因所造成F_1稔性低落現象，在F_2或F_3以後的世代中，常有稔性恢復或稔性個體頻度較F_1爲高情形[7,8]，而F_2以後的世代中，其族群之變異分布亦會產生偏歪的現象[2,3,6]，使得基因分布較偏向秈型稻[7]，二對基因時，則秈稻親本基因組合(parental gene combination)有增加之趨勢[9]。此種分布偏歪的現象，除了重複配子發育基因所造成不稔的情形外，與不同基因型之繁殖率亦有密切關係[9,18]，因此，在配子發育基因與基因型差異之不同繁殖率單獨或交互影響下，F_2以後之族群則會產生不同程度之偏歪[9,19]。

本研究調查的四個性狀中，長護穎及無葉耳、葉舌兩外表型性狀分別由位在第IV連鎖群的*g-1*及位在第II連鎖群的*lg*兩隱性基因所控制[17]，長護穎*g-1*基因造成穀粒上護穎長度較一般長且大，無葉耳、葉舌*lg*基因則造成水稻在整個生育期間，其葉耳、葉舌均缺如。此兩個外型性狀在雜交後代族群基因頻度的分布均產生相當程度的偏歪，尤以108與IG-T65的雜交組合後代基因頻度分布的偏歪最大，無葉耳、葉舌性狀在F_2世代即已不符合理論分離比。

本研究另以二個同功酶基因座作爲調查性狀，其中酸性磷酸酶*Acp-1*基因座在栽培稻中有$Acp\text{-}1^{-4}$、$Acp\text{-}1^{+9}$與$Acp\text{-}1^{Nul}$三個等位基因，除$Acp\text{-}1^{Nul}$外，每一等位基因控制三條主條帶與三條副條帶，$Acp\text{-}1^{Nul}$基因對其他等位基因爲隱性，在酶譜的對應位置上不產生任何條帶，而$Acp\text{-}1^{-4}$與$Acp\text{-}1^{+9}$兩等位基因爲共顯性[1,28]。*Acp-1*基因座的酶譜型式與秈、粳稻的分化相關，即$Acp\text{-}1^{-4}$與秈型稻相對應，$Acp\text{-}1^{+9}$與粳型稻相對應[5,25]。本研究中*Acp-1*基因座在108、9617與IG-T65秈、粳雜交組合後代族群酶譜頻度F_2至F_4各世代間均顯現極大的偏歪現象，且明顯的偏向秈型親本的$Acp\text{-}1^{-4}$酶譜，此可能係酸性磷酸酶*Acp-1*基因座的酶譜表現與秈、粳型之分化有關所致，在與秈、粳分化有關的同功酶基因座上，如：磷酸葡萄糖異構醣*Pgi-2*及莽草酸去氫酶*sdh-1*均有此種現象的發生[26]，Sato *et al.*更進一步指出產生此種現象的因素大多數來自於配子選擇(gametic selection)，而此種配子選擇亦可能是秈、粳分化的原動力[27]。

本研究中過氧化酶*Pox-1*基因座上，栽培稻*O. sativa*普遍爲$Pox\text{-}1^{2A}$型，僅少數品種爲$Pox\text{-}1^{OC}$和$Pox\text{-}1^{Nul}$，其中$Pox\text{-}1^{Nul}$爲缺失型，對$Pox\text{-}1^{2A}$和$Pox\text{-}1^{OC}$兩個等位基因爲隱性，而$Pox\text{-}1^{2A}$與$Pox\text{-}1^{OC}$則爲其顯性[1,24]。可能此基因座屬於與秈、粳分化無關的中性基因，因此在9617×IG-T65的秈、粳雜交組合後代族群不易產生基因頻度的偏歪。而栽培稻*O. sativa*的*Pox-1*基因座大都爲$Pox\text{-}1^{2A}$型，亦可能由於野生稻在轉變爲栽培稻的演化過程中，某些基因座等位基因多樣性(allelic diversity)減少所致[21]。

綜合上述，本研究中所調查的二個外表型性狀與二個同功酶性狀在秈、粳雜交後代族群基因頻度分布均有產生與理論分布不同的偏歪現象，此種偏歪現象在不同性狀上有不同程度的表現，但以酸性磷酸酶*Acp-1*基因座在秈、粳雜交後代的族群所產生的偏歪最大，此可能與該基因座係與秈、粳分化有關所致。

參考文獻

1. 白鍊 傅蓬燕 1977 栽培稻過氧化酶與酸性磷酸酶之遺傳分析 農藝彙報 2: 75~85。
2. 吳詩都 許東暉 宋勳 曾富生 1986 第一期作單向淘汰及栽培地區對水稻雜種集團育種行爲之影響 Ⅰ.F_2雜種集團農藝性狀之分離頻度在四個地區之變異 農林學報 34(2)、35(1): 57~76。
3. 吳詩都 宋勳 許東暉 曾富生 1986 第二期作單向淘汰及不同栽培地區對水稻雜種集團育種行爲之影響 Ⅰ.F_2雜種集團農藝性狀在四個不同地區之遺傳變異 農林學報 35(2): 37~58。
4. 許志聖 1986 水稻過氧化酶修飾基因之遺傳分析 國立中興大學糧食作物研究所碩士論文。
5. 陳治官 白鍊 1982 水稻同功酶之遺傳學研究 Ⅲ.栽培稻之同功酸性磷酸酶*Acp-1*基因座與苯醇反應*Ph*基因座之連鎖分析 農藝彙報 5: 65~70。
6. 明峰英夫 熊谷甲子夫 1958 イネの遠緣雜種集團における出穗期の遺傳機構と選拔問題 p.65~76 酒井、明峰、高橋編: 「植物の集團育種法研究」 養賢堂 東京。
7. 岡彥一 1955 稻雜種集團に於ける遺傳子頻度の變化-栽培稻の系統發生的分化 第11報 育種學雜誌 5: 59~64。
8. 岡彥一 1956 稻品種間雜種不稔性を支配する配偶子發育因子のポリジ-ン的性質-栽培稻 系統發生的分化 第12報 育種學雜誌 6: 51~55。
9. 岡彥一 1956 稻雜種集團における遺傳子組換の制限-栽培稻の系統發生的分化 第13報 育種學雜誌 6: 185~191。
10. Chang, T. T. 1964. Present Knowledge of rice genetics and cytogenetics. Tech. Bull. 1. IRRI. Los Banos, Philippine.
11. Chang, T. T. 1976. The origin, evolution, cultivation, dissemination, and diversification of asian and african rice. Euphytica. 25: 425-441.
12. Chu, Y. E. and H. I. Oka. 1969. Reproductive barriers distributed in cultivated rice species and their wild relatives. Jpn. J. Genet. 44: 207-223.
13. Endo, T. and H. Morishima. 1983. Rice. In: S. D. Tankley and T. Orton (end.). Isozyme in plant genetics and breeding, Part B. Elsevier, Science Publisher B. V., Amsterdam. p.129-146.
14. Henderson, M. T. 1964. Cytogenetic studies at the Louisiana Agricultural Experiment Station of species relationships in *Oryza*. In: IRRI (ed.). Rice genetics and cytogenetics. p.103-110.
15. Kato, S. and Y. Maruyama. 1928. Serodiagnostic investigation on the affinities of different varieties of rice. Bul. Sci. Kyushu Imp. Univ. Fac. Agr. 3: 10-29.
16. Kato, S., H. Kosaka and S. Hara. 1928. On the affinity of rice varieties as shown by the fertility of hybrid plants. Bul. Sci. Kyushu Imp. Univ. Fac. Agr. 3: 132-147.

17. Nagao, S. and M. Takahashi. 1963. Trial construction of twelve linkage groups in Japanese rice. Genetical studies on rice plant, XXVIII. J. Fac. Agr. Hokkaido Univ. 53(1): 72-130.
18. Oka, H. I. 1953. Influence of intervarietal hybrid sterility on segregation ratio in rice. Jour. Agr. Assoc. China, New Series. 1: 13-23.
19. Oka, H. I. 1974. Analysis of genes controlling F_1 sterility in rice by the use of isogenic lines. Genetics 77: 521-534.
20. Oka, H. I. 1978. Phylogenetic differentiation of cultivated rice, XXI. The sporophytic pollen sterility: its genetic basis and intervarietal relationships as shown by F_2 sterility. Jpn. J. Genet. 53: 397-410.
21. Oka, H. I. 1989. Distribution of gene diversity in Indica and Japonica rice varieties and their wild progenitors. RGN 6: 70-71.
22. Oka, H. I. and Y. Doida. 1962. Phylogenetic differentiation of cultivated rice. XX. Analysis of the genetic basis of hybrid breakdown in rice. Jpn. J. Genet. 37: 24-35.
23. Oka, H. I. and W. T. Chang. 1963. A note on rice varieties of Japonica type found in northern Thailand. Bot. Bull. Aca. Sinica 4: 163-168.
24. Pai, C., T. Endo and H. I. Oka. 1973. Genic analysis for peroxidase isozymes and their organ specificity in *Oryza perennis* and *O. sativa*. Can. J. Genet. Cytol. 155: 845-853.
25. Pai, C., T. Endo and H. I. Oka. 1975. Genic analysis for acid phosphatase isozyme in *Oryza perennis* and *O. sativa*. Can. J. Genet. Cytol. 17: 636-650.
26. Pham, J. L. 1988. Isozyme markers for plant height and spikelet fertility in rice. RGN 5: 108-109.
27. Sato, Y. I., R. Ishikawa and H. Morishima. 1990. Nonrandom association of genes and characters found in Indica x Japonica hybrids of rice. Heredity 65: 75-79.
28. Shastry, S. V. S. 1964. Is sterility genic in Japonica-Indica rice hybrids? In: R. F. Chandler (ed.). Rice genetics and cytogenetics. Elsevier, Amsterdam. p.154-157.
29. Ting, Y. 1949. Origination of the rice cultivation in China. Agron. B. Sun Yatsen U. Ser.Ⅲ.7: 1-18.
30. Velasco-Demeterio, E. G., S. Ando, D. A. Rovmirez and T. T. Chang. 1965. Cytological and histological studies of sterility in F_1 hybrids of twelve Indica-Japonica crosses. Philippine Agriculturist 49: 248-259.

The Variation of Gene Frequency of the Progeny of Crossing with Indica and Japonica Rice[1]

Chih-Sheng Sheu[2], You-Fu Chen, Shyue-Ru Ko and Chiang Pai[3]

ABSTRACT

The F_1 plant of the crossing in Indica and Japonica was always highly sterile due to the reproduction barrier of Indica and Japonica types of rice. The distribution of agronomic characteristics of F_2 population was skewed also. Two agronomic characteristics, long sterile lemmas and liguleless, and two isozyme locus, acid phosphatase *Acp-1* and peroxidase *Pox-1*, were used in this study to understanding the variation of gene frequency of the progeny of Indica and Japonica crossing. The results showed that the gene fraquency distribution of the progeny of two agronomic characteristics and acid phosphatase *Acp-1*, which is regarded to the differentiation of Indica and Japonica, were skewed obviously.

Key words: indica and japanica crossing, gene frequency, isozyme.

---

[1] Contribution No. 0354 from Taichung DAIS.

[2] Assistant Agronomist of Taichung DAIS.

[3] Pre-graduate students, and Professor of National Chung Hsing University, Research Institude of Agronomy, respectively.