

Kleinere Mitteilungen

The relative loci of some genes in the variegated chromosome of *Pharbitis Nil*

By YOSHITAKA IMAI and KIYŌO TABUCHI, Tokyo

(Eingegangen am 28. August 1930)

The variegated linkage group of *Pharbitis Nil*, the Japanese morning glory, was known to include four genes, variegated, crumpled-1, Blown-1 and fasciated-3 (IMAI 1929). A recent investigation made by IMAI added three other genes to this group; namely, brown, faded and couple, making seven genes to be located in the variegated chromosome. Of these seven genes, variegated and crumpled-1 are linked with 17.7 per cent. of recombination and variegated and Blown-1 with 29.3 per cent. of recombination, the accurate distance between crumpled-1 and Blown-1 being not yet known. These figures were determined by available data obtained by selfing hybrids.

Backcrossing experiments were attempted by us to determine the relative loci of the three genes, variegated, crumpled-1 and Blown-1, on the variegated chromosome map. F_1 was obtained by crossing variegated crumpled-1 Blown-1 ($v\ c1\ B1$) with normal (+), and the hybrids, when backcrossed with the triple recessive form, showed a result as given in Table 1 (see pag. 167).

Based upon the data thus obtained, the recombination frequency due to crossing over is calculated as shown in Table 2 (see pag. 167).

By backcrossing experiments reciprocally made, we obtained the respective amounts of recombination taking place in macrosporogenesis and in microsporogenesis. In the former, the occurrences are 14.70 ± 0.61 for v and $c1$, 18.52 ± 0.67 for $c1$ and $B1$ and 31.67 ± 0.80 for v and $B1$, and the correspondings are 15.34 ± 1.08 , 15.74 ± 1.10 and 28.29 ± 1.36 in the latter. The low frequency observed for $c1$ and $B1$ as well as for v and $B1$ in microsporogenesis is due to a result obtained by backcross $47 \times (ID \times SR)$. Aside from this, we may conclude that the recombination frequency is practically the same with both macrosporogenesis and microsporogenesis.

The relative loci of variegated, crumpled-1 and Blown-1 can be determined by the figures given in Table 2; namely, their order in the chromosome is $v-c1-B1$, with an interval of 14.86 ± 0.53 between v and $c1$ and

Table 1. Data obtained by $\frac{v \ c1 \ B1}{+ \ + \ +} \times v \ c1 \ +$

Backcross	v c1 B1		v c1 B1		v c1 B1		v c1 B1		Total
	+ v c1 B1	v c1 B1	v c1 B1	v c1 B1	v c1 B1	v c1 B1	v c1 B1		
v c1+(♀)×F ₁ (♂)									
47×(ID×SR)	109	112	21	20	21	18	3	0	304
47×(YK×SR)	70	62	16	13	19	14	2	2	198
Total	179	174	37	33	40	32	5	2	502
	353		70		72		7		502
F ₁ (♀)×v c1+(♂)									
(ID×SR)×47	344	334	72	70	90	81	3	7	1001
(YK×SR)×47	195	170	49	24	50	53	2	0	543
Total	539	504	121	94	140	134	5	7	1544
	1043		215		274		12		1544
Totals	718	678	158	127	180	166	10	9	2046
	1396		285		346		19		2046

Table 2. Percentage of recombination calculated from Table 1

Backcross	v—c1	c1—B1	v—B1
v c1+(♀)×F ₁ (♂)			
47×(ID×SR)	14.47 ± 1.36	13.82 ± 1.33	26.32 ± 1.70
47×(YK×SR)	16.67 ± 1.78	18.69 ± 1.87	31.31 ± 2.22
Total	15.34 ± 1.08	15.74 ± 1.10	28.29 ± 1.36
F ₁ (♀)×v c1+(♂)			
(ID×SR)×47	15.18 ± 0.76	18.08 ± 0.82	31.27 ± 0.96
(YK×SR)×47	13.81 ± 1.00	19.34 ± 1.14	32.41 ± 1.35
Total	14.70 ± 0.61	18.52 ± 0.67	31.67 ± 0.80
Totals	14.86 ± 0.53	17.84 ± 0.57	30.84 ± 0.69

of 17.84 ± 0.57 between c1 and B1, or the distance is 14.9 between v and c1, 17.8 between c1 and B1 and 14.9 + 17.8 or 32.7 between v and B1. The low percentage of the observed recombination between v and B1, as compared with the sum of the values given by v and c1 and c1 and B1, is due to the occurrence of double crossing over. The observed amount of crossing

over involving both regions, variegated—crumpled-1 and crumpled-1—Blown-1, is 0.93 per cent., whereas the calculated frequency of double crossing over is 2.65 per cent. Therefore, the coincidence of crossing over of the two regions is 0.35.

According to HAGIWARA (1922), cordate was considered to be linked loosely with variegated and crumpled-1. The data collected by IMAI (1924), however, showed no linkage between them, and he gathered cordate under the other, cordate linkage group. We have obtained data giving a decided proof for the latter's view. One of backcrosses shown above presented also a segregation for cordate. The percentage of recombination of cordate is 52.63 ± 1.24 for variegated, 52.36 ± 1.24 for crumpled-1 and 49.80 ± 1.24 for Blown-1. The probable error was calculated on the basis of an 1:1 sampling. From these figures, it is quite certain that cordate is independent of variegated, crumpled-1 and Blown-1. Therefore, cordate is located in the cordate chromosome, and not in the variegated chromosome.

References

- HAGIWARA, T., 1922. On the crossover and interference in the Japanese morning glory. Bot. Magazine, Tokyo. **36**, 55—60.
- IMAI, Y., 1924. Genetic studies in morning glories. XI. On the variegated and the heart leaf linkage groups in *Pharbitis Nil.* Bot. Magazine, Tokyo. **38**, 103—119. (Japanese.)
- , 1929. Linkage groups of the Japanese morning glory. Genetics. **14**, 223—255.

Zur Schätzung der Erbzahl bei einseitig ausgelesenem Material

Von Dr. Wilhelm Weinberg in Stuttgart

(Eingegangen am 23. November 1930)

Wenn wir es mit Material zu tun haben, das aus Sippschaften mit mindestens einem Träger eines bestimmten Merkmals, etwa eines rezessiven, besteht, so kann der Wunsch bestehen festzustellen, ob es einer bestimmten, einheitlichen Kreuzung, wie $DR \times DR$ oder $DR \times RR$ entstammt. Ist dies der Fall und ist die Entfaltung des Merkmals von Außenfaktoren nicht beeinflusst, so wird RR aus solchen Kreuzungen mit der Häufigkeit 25 oder 50% hervorgehen. Abweichungen hiervon, die nicht als Folge der Zufallswirkung kleiner Zahlen erscheinen, können dann Anlaß sein anzunehmen, daß Außenfaktoren, Letalfaktoren, Unterschiede der Fruchtbarkeit von Sippschaften und Mutationen eine Rolle spielen, wie das in Wirklichkeit wohl

auch meist der Fall sein wird. Die Auslese nach dem Besitz des Merkmals liefert nicht die wahre Erbzahl, sondern eine jedenfalls relativ zu hohe Ziffer, deren Höhe wir mit der Formel $a_1 = \frac{p}{1-q^k}$ berechnen können, wenn $p = 1-q$ die hypothetische Erbzahl und k die Sippschaftsgröße ist. Da die Bezeichnung apriorisch für diese Formel nicht ganz zweckmäßig ist, weder Apert noch Bernstein sie erfunden haben — ihre Kenntnis lag schon 1909 meinen Berechnungen über Erwartung von wiederholten Mehrlingsgeburten bei Mehrlingsmüttern zugrunde (A. f. Rassen- u. Ges.-Biol. VI, S. 325—326) —, so wird es wohl keinem Widerspruch begegnen, wenn ich vorschlage, die Berechnung für die Erwartung der Häufigkeit der Merkmalsträger in den einseitig ausgelesenen Sippschaften als (theoretische) direkte Auslese-ziffer zu bezeichnen. Wie ich gezeigt habe, gilt sie aber nur für den Fall, daß keine Stichprobenauslese vorliegt. Hat diese den Grad r , so gilt allgemein die Formel $a_r = \frac{p [1 - (1-r)(1-pr)^{k-1}]}{1 - (1-pr)^k}$; die obige Formel a_1 geht aus ihr für $r = 1$ hervor, während bei $r = 0$, d. h. sehr geringer Auslese aus dem Gesamtmaterial, sich $a_0 = \frac{1 + (k-1)p}{k}$ als Erwartung ergibt.

Nun wird im allgemeinen die empirische Auslese-ziffer nicht unbedingt mit der Zahl a_0 übereinstimmen, die man als Wirkung von $p = 0,25$ oder $0,5$ als hypothetische Erbzahl erwartet. Man kann dann die wahre, von $p = 0,25$ oder $0,5$ aus irgendwelchen Gründen abweichende Erbzahl mit Hilfe der einfachen Geschwister- oder der Probandenmethode schätzen oder mit Lenz versuchen, ob sich die hypothetische Erbzahl $p = 0,25$ oder $0,5$ ergibt, wenn man unter Berücksichtigung des Auslesegrades die in dem Material fehlenden Sippschaften durch Multiplikation mit $\frac{1}{1-q^k}$ oder durch Addition von Zahlen, die Just angibt, die zugehörige Urbevölkerung wiederherstellt.

Die Probandenmethode wird aber dann, wenn das Material eine Auslese aus einer beschränkten Urbevölkerung darstellt, also die einzelnen Sippschaften nicht unabhängig voneinander entstanden sind, wie Justs Obstfliegenmaterial selbst, eine zu niedere Erbzahl liefern.

Die Frage, ob und wie weit wir verpflichtet sind, empirisches Material als eine Auslese aus kleinem, endlichem Material anzusehen oder als eine Auslese aus unendlichem Material, kann wohl nicht grundsätzlich gelöst werden, im Einzelfall muß vielmehr geprüft werden, was und in welchem Grade es zutrifft. Nur in letzterem Falle können wir die einzelnen Individuen und die einzelnen Sippschaften als Stichprobe aus unendlicher Population, als unabhängig voneinander betrachten und das trifft jedenfalls nicht zu, wenn es sich um Merkmale handelt, deren Auftreten sozial bedingt ist.

Die Justschen Experimente nehmen als Grundlage der Prüfung der Probandenmethoden Urbevölkerungen von etwa der Größe 300 an, die nach-