

Die Vererbung des β -D-Glukangehaltes in Gerste

B. BLANK, D. DAHAL, A. BINDER und J. LÉON

(1,3)(1,4) β -D-Glukane finden sich vornehmlich im Korn von Hafer und Gerste und gehören der Stoffklasse der linearen Polysaccharide an. Die wichtigste Eigenschaft der β -D-Glukane ist ihre Fähigkeit zur Gelbildung. Entsprechend des Verwendungszweckes sind in Gersten entweder hohe β -D-Glukangehalte (Nahrungsmittelindustrie, menschliche Ernährung) oder niedrige β -D-Glukangehalte (Brauereigewerbe) erwünscht. In Deutschland hat vorwiegend β -D-glukanarme Gerste als Futtermittel und als Braugerste Bedeutung. Wegen ihres hohen ernährungsphysiologischen Wertes ist jedoch in Zukunft auch die Züchtung β -D-glukanreicher Gerstensorten wünschenswert.

Besonders Wildformen der Gerste (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) zeichnen sich durch einen hohen β -D-Glukangehalt im Korn aus. Um diese Eigenschaft in Kulturformen zu übertragen und die genetische Struktur dieses quantitativ vererbten Merkmals untersuchen zu können, wurde zunächst eine F_2 -Population, hervorgegangen aus der Kreuzung einer Sommergerstenlinie ‚Lerche‘ mit der Wildform BGR41936, erstellt.

282 F_2 -Individuen wurden mit insgesamt 156 SSR- und AFLP-Markern genotypisiert, sowie der β -D-Glukangehalt im Korn bestimmt (BINDER 2002).

Mit Hilfe der Genotypdaten wurde eine Kopplungskarte erstellt. QTL (Quantitative Trait Loci) wurden anschließend in einer „Single point“-Analyse identifiziert. Es konnten insgesamt 4 QTL auf den Chromosomen 1H und 2H detektiert werden. Zur Verifikation der QTL-Daten sollen Daten aus der F_3 -Nachkommenschaft herangezogen werden. Dafür wurden bereits 1225 Individuen aus selektierten Linien genotypisiert, wovon aktuell für ein ausgewähltes Subset mit definierten Allelkombinationen an den QTL die β -D-Glukangehalte bestimmt werden.

Weiterhin sollen die QTL durch eine Feinkartierung weiter charakterisiert werden. Die Arbeiten werden aktuell für den QTL QGluc1 auf Chromosom 1H durchgeführt. Mit Hilfe einer Poolanalyse (MICHELMORE et al. 1991) wurden zum einen neue AFLP-Marker identifiziert. Zum anderen wurden der Literatur entnommene weitere 9 SSR-Mar-

ker auf ihre mögliche Lokalisation innerhalb der Zielregion getestet.

Zur Identifizierung neuer Rekombinationsereignisse wurden 874 F_3 -Nachkommen aus der beschriebenen Ausgangspopulation ausgewählt, deren F_2 -Eltern in der Zielregion heterozygot waren. Mit diesem Set können genetische Abstände bis ungefähr 0,1 cM bestimmt werden. Die Pflanzen wurden mit insgesamt fünf SSR-Markern genotypisiert, um Rekombinationsereignisse innerhalb der Zielregion zu identifizieren. Nach Analyse der DNA dieser rekombinanten Pflanzen mit den gefundenen neuen Markern aus der Poolanalyse kann dann eine Feinkarte der Zielregion erstellt werden.

Literatur

- BINDER, A., 2002: Lokalisation von Genen für die Vererbung des (1-3)(1-4) β -D-Glukangehalts in Gerste. Schriftenreihe des Institutes für Pflanzenbau, Band 1, Shaker Verlag, Aachen.
- MICHELMORE, R.W., I. PARAN and R.V. KESSELI, 1991: Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. Proc Natl Acad Sci USA 88: 9828-9832.

Autoren: Dr. Birgit BLANK, Diwakar DAHAL, Andrea BINDER und Jens LÉON, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz, Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Katzenburgweg 5, 53115 BONN, b.blank@uni-bonn.de

