

Differenzierung von RFLP-Polymorphismen in Land- und Zuchtsorten von Gerste in Zentraleuropa

G. BACKES, B. HATZ, A. JAHOR und G. FISCHBECK

In einem Forschungsverbund zwischen der Universität München (Prof. Hermann), der TU München-Weihenstephan (Prof. Fischbeck) und dem Grünbacher Institut der Biologischen Bundesanstalt (Prof. Wenzel) ist in den Jahren 1987-1990 eine RFLP Kartierung des Gerstengenoms vorgenommen worden. Aus diesen Arbeiten sind die sogenannten MWG Sonden hervorgegangen, welche in engem Abstand alle 7 Chromosomen des Gerstengenoms einschließen (GRANER et al., 1990). Zur gleichen Zeit ist ein internationales Projekt initiiert worden, das die Entwicklung einer ‚Barley Core Collection (BCC)‘ in Form von reinen Linien anstrebt (VON BOTHMER et al, 1990), die hauptsächlich wissenschaftlichen Zwecken dienen soll. Zur Vorbereitung und auch als Beitrag zu diesem Projekt ist in Weihenstephan eine Dissertation angefertigt worden (HATZ, 1997), in der mit Hilfe eines Netzes von 48 RFLP Sonden die genetische Diversität innerhalb zentral- und westeuropäischer Kulturgersten an einer Stichprobe von 223 dazu ausgewählter Genotypen untersucht wurde. Der Auswahl der in diese Untersuchung einbezogenen Genotypen lag die Absicht zugrunde, den in Mitteleuropa erzielten Züchtungsfortschritt bei Gerste in Form von Einbeziehung besonders erfolgreicher Zuchtsorten und häufig benutzter Kreuzungseltern zu repräsentieren, wobei insbesondere für die frühen Phasen der europäischen Gerstenzüchtung die von LUPTON (1992) erarbeitete Datenbasis wertvolle Grundlagen vermittelte. Die folgenden Ausführungen stützen sich auf die von Frau Hatz gewonnenen Ursprungsdaten zur Diversität innerhalb der ausgewählten Genotypen, die mit Hilfe von ‚single bzw low copy‘ RFLP-Sonden untersucht wurde, von denen in Kombination mit bestimmten Restriktionsenzymen aus den untersuchten Ge-

notypen zwei- bis fünf klar unterscheidbare Bandenmuster (Allele) erkennbar waren. Darüber hinaus gehende Ermittlungen zur Frequenzverteilung der einzelnen Bandenmuster wurden allerdings auf jeweils drei, am jeweiligen Locus am häufigsten registrierte Allele beschränkt. Ergänzende biometrische Untersuchungen an diesem Material lagen in den Händen von Herrn Backes und wurden größtenteils bei Herrn Jahoor in Riso ausgeführt.

Aus *Tabelle 1* geht sowohl die Verteilung der untersuchten Genotypen auf Land- und Zuchtsorten als auch die Zugehörigkeit zu einer der vier Untergruppen aus Sommer- und Wintergerste bzw. 2- und mehrzeilige Ährentypen und weiterhin das Herkunftsland der ausgewählten Genotypen hervor. In *Abbildung 1* ist dargestellt, wie sich die ursprünglich ausgewählten RFLP- Sonden über das Gerstengenom verteilen; besonders gekennzeichnet sind ferner diejenigen Son-

den, die den gestellten Anforderungen an klar unterscheidbare Bandenmuster entsprachen und auf dieser Grundlage tatsächlich in die vorgenommenen Diversitätsanalysen einbezogen waren. Das ursprüngliche Ziel, das gesamte Gerstengenom in Abständen von etwa 30 cM abzudecken konnte mit den tatsächlich eingesetzten 32 Sonden, von denen eine in zwei Klon-Enzym Kombinationen verwendet wurde, nicht mehr erreicht werden. Die vorhandenen Lücken sind z. T. auf diese Beschränkung, z.T. aber auch auf nachträglich notwendige Korrekturen an der ursprünglich festgelegten Positionierung im Gerstengenom zurückzuführen.

Zur summarischen Kennzeichnung der genetischen Diversität in verschiedenen Untergruppen aus den 223 untersuchten Genotypen wurden Diversitätsindices nach NEI (1973) berechnet. Für jeden RFLP Locus wurden ferner vergleichende Berechnungen über gruppenspezifische

Tabelle 1: Geographische Verteilung der verwendeten Landrassen und Kultursorten

Land	Landrassen				Kultursorten				Σ
	2S	6S	2W	6W	2S	6S	2W	6W	
Finnland		1				3			4
Norwegen		1				1			2
Schweden	2	1			11	1			15
Dänemark	2				9				11
Niederland		1		2	17		1	4	25
Belgien								2	2
Frankreich	3			2	13		7	10	35
Großbritannien	3				12		9		24
Irland			1		2		1		4
Deutschland	6			1	23		11	18	59
Österreich	5	1		2	2		1	2	13
Schweiz				1				1	2
ehem. Tschoslowakei	1				4				5
Ungarn	1			2	2			3	8
Polen					3			2	5
Griechenland				2			1		3
Italien							1	1	2
Spanien				1			1		2
unbekannt				1	1				
Σ	23	5	1	14	99	5	33	43	
ΣΣ			43				180		223

2S = 2-zeilige Sommergerste, 6S = 6-zeilige Sommergerste 2W = 2-zeilige Wintergerste, 6W = 6-zeilige Wintergerste

Autoren: Dr. Gunter BACKES und Dr. Dr. habil. Ahmed JAHOR, Forskningscenter Risø, Afd. for Planteforskning, PRD-330, DK-4000 ROSKILDE, Dr. Benedikte HATZ, BIO^M AG, Haus 7 / 3. Stock, Am Klopferspitz 19, D-82152 MARTINSRIED/MÜNCHEN; Prof. Dr. Dr. h.c. Gerhard FISCHBECK, Lehrstuhl für Pflanzenbau und -züchtung, Lange Point 51, D-85350 FREISING-WEIHENSTEPHAN



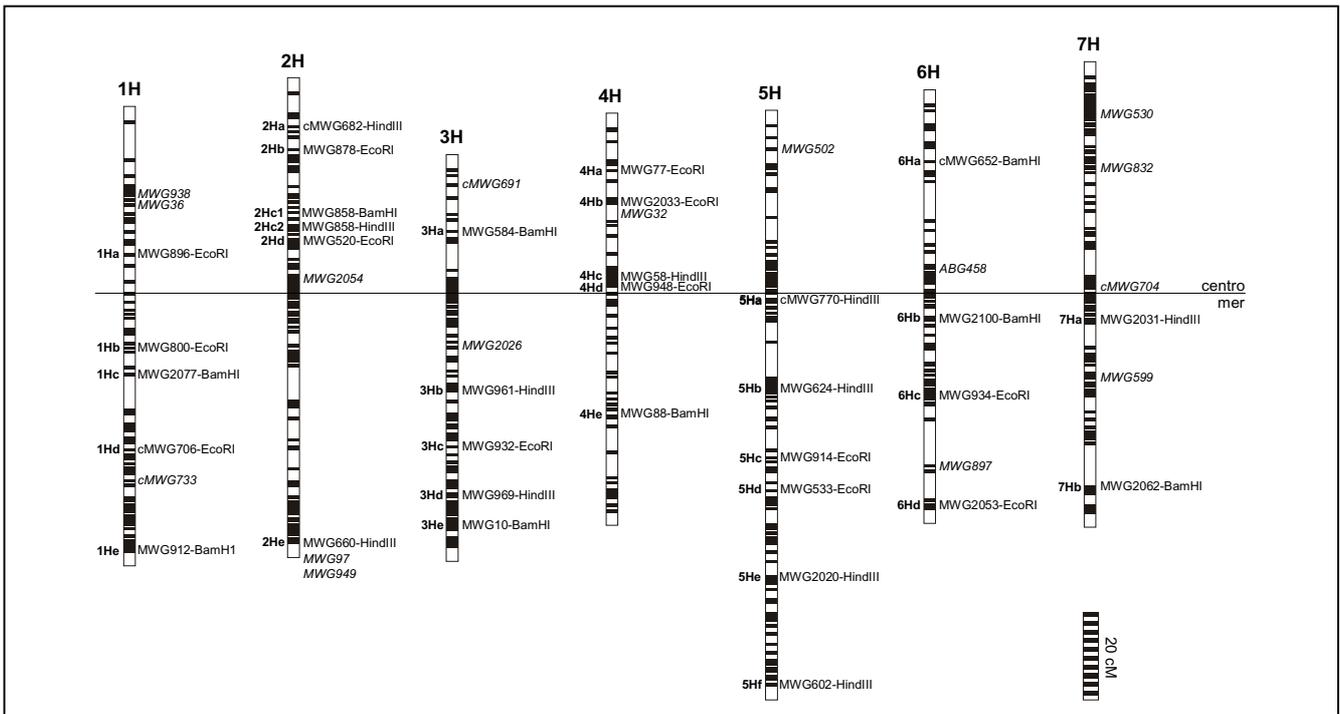


Abbildung 1: Lokalisierung ausgewählter RFLP-Sonden im Gerstengenom und Bezeichnung der untersuchten Klon-Enzym-Kombination

sche Differenzierungen von Allelfrequenzen durchgeführt, die sich allerdings auf maximal 3 in der Gesamtstichprobe am häufigsten vertretenen Bandenmuster beschränkte.

Vergleich zwischen Land- und Zuchtsorten

Der zunächst interessierende Vergleich der genetischen Diversität zwischen europäischen Land- und Zuchtsorten fand eine sehr eindeutige Antwort in den für beide Untergruppen numerisch kaum unterscheidbaren Diversitätsindices (Abbildung 2). Sie ist dennoch nicht sicher interpretierbar, da die durch Zuchtsorten verdrängten Landsorten Zentraleuropas nicht systematisch gesammelt wurden. Aus diesem Grund läßt sich nicht mehr feststellen, ob und in welchem Umfang genetische Diversität dabei verloren ging. Wird der Vergleich auf die ermittelten Allelfrequenzen ausgedehnt, ergaben sich zwar für 5 Loci auf 4 Chromosomen statistisch gesicherte Unterschiede, eine systematische Zunahme der Frequenz dominierender Allele in den Zuchtsorten, wie sie der Vorstellung einer abnehmenden Diversität entsprechen würde, ist dabei jedoch nicht feststellbar. Im Fall von Locus 2He erreicht im Gegenteil ein im Landsorten-

material nicht aufgefundenes Allel einen erheblichen Anteil an der für die Zuchtsorten charakteristischen Frequenzverteilung. In der Summe über alle Loci sind 4 RFLP Allele aus der Landsortengruppe in den Zuchtsorten nicht wieder gefunden worden. Dabei handelt es sich interessanterweise fast ausschließlich um Allele in Wintergerste, die aber auch in der Lansortengruppe nur vereinzelt auftraten. Neben dem bereits erwähnten 2He Locus wurden in den Zuchtsorten jedoch 6 weitere RFLP Allele registriert, die in der Landsortengruppe nicht vertreten waren. Im Unterschied zu dem ‚neuen‘ 2He Allel überwog in den übrigen Fällen ebenfalls der Wintergerstenanteil; allerdings erreichte kein anderes der ‚neuen‘ Allele Frequenzanteile über 5%.

Man kann also zusammenfassend feststellen, daß an Hand der RFLP Polymorphismen keine systematisch fortschreitende Verminderung der genetischen Diversität durch Züchtungsaktivitäten bei Gerste feststellbar ist.

Vergleich zwischen Untergruppen von Zuchtsorten

Weitere Untergruppierungen zwischen den Zuchtsorten von Gerste ergaben die in Tabelle 2 dargestellten Unterschiede im Diversitätsindex. Überraschender-

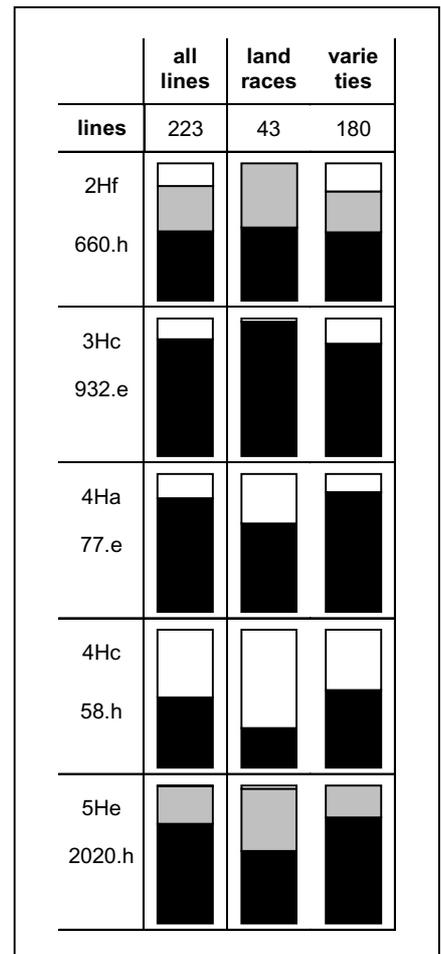


Abbildung 2: Diversitätsindex (H) und gesichert unterschiedliche Allelfrequenzen in Land- und Zuchtsorten

Tabelle 2: Diversitätsindices verschiedener Untergruppen

	Spring barley	Winter barley	2-row barley	6-row barley
<i>n</i>	132	91	156	67
<i>H</i>	0.260	0.415	0.293	0.381
<i>p</i> (? <i>H</i>)	0.070		0.219	

	2-row spring	2-row winter	6-row winter	6-row spring
<i>n</i>	122	34	57	10
<i>H</i>	0.238	0.373	0.371	0.152
<i>p</i> (? <i>H</i>)	0.139		0.468	
	0.139			

	2-row spring cv. < 1975	2-row spring cv. > 1975	6-row winter cv. < 1975	6-row winter cv. > 1975
<i>n</i>	53	46	23	20
<i>H</i>	0.231	0.229	0.314	0.355
<i>p</i> (? <i>H</i>)	0.493		0.486	

weise fällt der Vergleich zwischen Sommer- und Wintergersten-, bzw. zwischen zwei- und mehrzeiligen Zuchtsorten eindeutig und signifikant zuungunsten der Sommer- bzw. zweizeiligen Sortengruppe aus. Mit weiteren und damit kleiner werdenden Untergruppen geht zwar die statistische Signifikanz schnell verloren, wengleich für die numerischen Werte der ermittelten Diversitätsindices ein hohes Maß an Konstanz erkennbar ist. Insbesondere wird dabei deutlich, daß die zweizeilige Wintergerste ein ähnlich hohes Diversitätsniveau erreicht als die mehrzeilige Wintergerste, während die Unterteilung in ältere und jüngere Zuchtsorten bei der zweizeiligen Sommergerste nahezu identische Werte ergibt. Dem steht bei der mehrzeiligen Wintergerste ein wahrnehmbarer Trend zu ansteigendem Diversitätsindex gegenüber. Diese Abstufungen sind insofern überraschend, als sich die gegen Ende des 19. Jahrhunderts in Zentraleuropa einsetzenden züchterischen Aktivitäten nahezu vollständig auf den damals weitgehend dominierenden Anbau von zweizeiliger Sommergerste konzentrierten und sich auf Selektionen aus Landsorten aller wichtigen Anbauregionen stützte, während die erst später an Bedeutung gewinnende Züchtung mehrzeiliger Wintergerste nur wenig von Rückgriffen auf einheimische Landsorten geprägt war (FISCHBECK, 1992), und schließlich die sehr junge Untergruppe zweizeiliger Wintergerste ausschließlich aus Sortenkreuzungen hervorgegangen ist.

Zweizeilige Wintergersten

Ein detaillierter Vergleich von Allelfrequenzen in den jüngeren Zuchtsorten von zweizeiliger Sommer- bzw. mehrzeiliger Wintergerste mit der Untergruppe zweizeiliger Wintergerste vermittelt aufschlußreiche Informationen (Abbildung 3). Signifikante Differenzierungen wurden für 19 (von 32) Loci ermittelt. Für die Gruppe der zweizeiligen Sommergerstensorten ist der hohe Anteil an vollständig oder nahezu fixierten Allelen charakteristisch, der in der Gruppe der zweizeiligen Wintergerste weitgehend reduziert wurde, während er in der Gruppe der mehrzeiligen Wintergerstensorten in zwar abgeschwächter aber oftmals profilbildender Form ebenfalls in Erscheinung tritt. Die große Zahl von signifikanten Unterschieden zwischen zweizeiliger Sommer- und zweizeiliger Wintergerste liegt sicher auch in dem unterschiedlichen Umfang der jeweiligen Stichprobe begründet, es kommen aber 6 Fälle hinzu, in denen signifikante Unterschiede zu beiden anderen Sortengruppen ermittelt wurden und ein weiterer Fall in dem sich die zweizeilige Wintergerste nur von der Gruppe der mehrzeiligen Wintergerstensorten unterscheidet. Neben oftmals intermediären Positionen in der Verteilung der Allelfrequenzen sind in mehreren Fällen auch Ansätze für eigenständige Profilbildung in der Gruppe der zweizeiligen Wintergerstensorten erkennbar. Es deutet sich somit an, daß aus der Züchtung zweizeili-

ger Wintergerste innerhalb eines relativ kurzen Zeitraums eine eigenständige Gruppe genetischer Diversität entstanden ist.

Züchtungsperioden

Sehr interessante und wiederum auch überraschende Differenzierungen in der Verteilung von RFLP Allelfrequenzen haben sich aus der Aufteilung der Genotypen von zweizeiliger Sommer- und mehrzeiliger Wintergerste in jeweils drei Untergruppen von Landsorten (1), älteren (2) und jüngeren (3) Zuchtsorten (Erstzulassung vor oder seit 1975) ergeben. Sie lassen sich in übersichtlicher Form durch Beschränkung auf die in jeder dieser Untergruppen domierenden RFLP Muster (Allele) darstellen. Dabei kann zwischen qualitativen (Identität) und quantitativen (Fixierung) Differenzierungen unterschieden werden. Sie sind in den folgenden Tabellen gesondert dargestellt.

Der Tabelle 3 ist zu entnehmen, daß auf jedem Chromosom bestimmte Allele einzelner RFLP Loci (12 von 32) über alle 6 Untergruppen dominieren. Für weitere 7 Loci (besonders auf Chromosom 1H) liegt eine markante Differenzierung in der Identität des jeweils dominierenden Allels zwischen zweizeiliger Sommer- und mehrzeiliger Wintergerste vor, die sich jeweils über alle drei zusammengehörigen Untergruppen erstreckt. In 7 weiteren Fällen (am häufigsten auf Chromosom 4H, aber auch auf 3 anderen Chromosomen) stimmt das jeweils dominierende Allel in der Landsortengruppe mehrzeiliger Wintergerste mit dem in allen Untergruppen der zweizeiligen Sommergerste dominierenden Allel überein, während kein Fall in umgekehrter Richtung gefunden wurde. In nochmals 7 Fällen (häufig auf Chromosom 5H) hat der Wechsel in der Identität dominierender Allele eher sporadischen Charakter, wengleich er z. T. auf eine weiter fortschreitende Differenzierung zwischen mehrzeiliger Wintergerste und zweizeiliger Sommergerste hindeutet, die ihrerseits durch ein besonders hohes Maß an Kontinuität über alle drei Untergruppen gekennzeichnet ist.

Bezieht man auch die Fixierung des jeweils dominierenden Allels in den Untergruppen in die Betrachtung mit ein

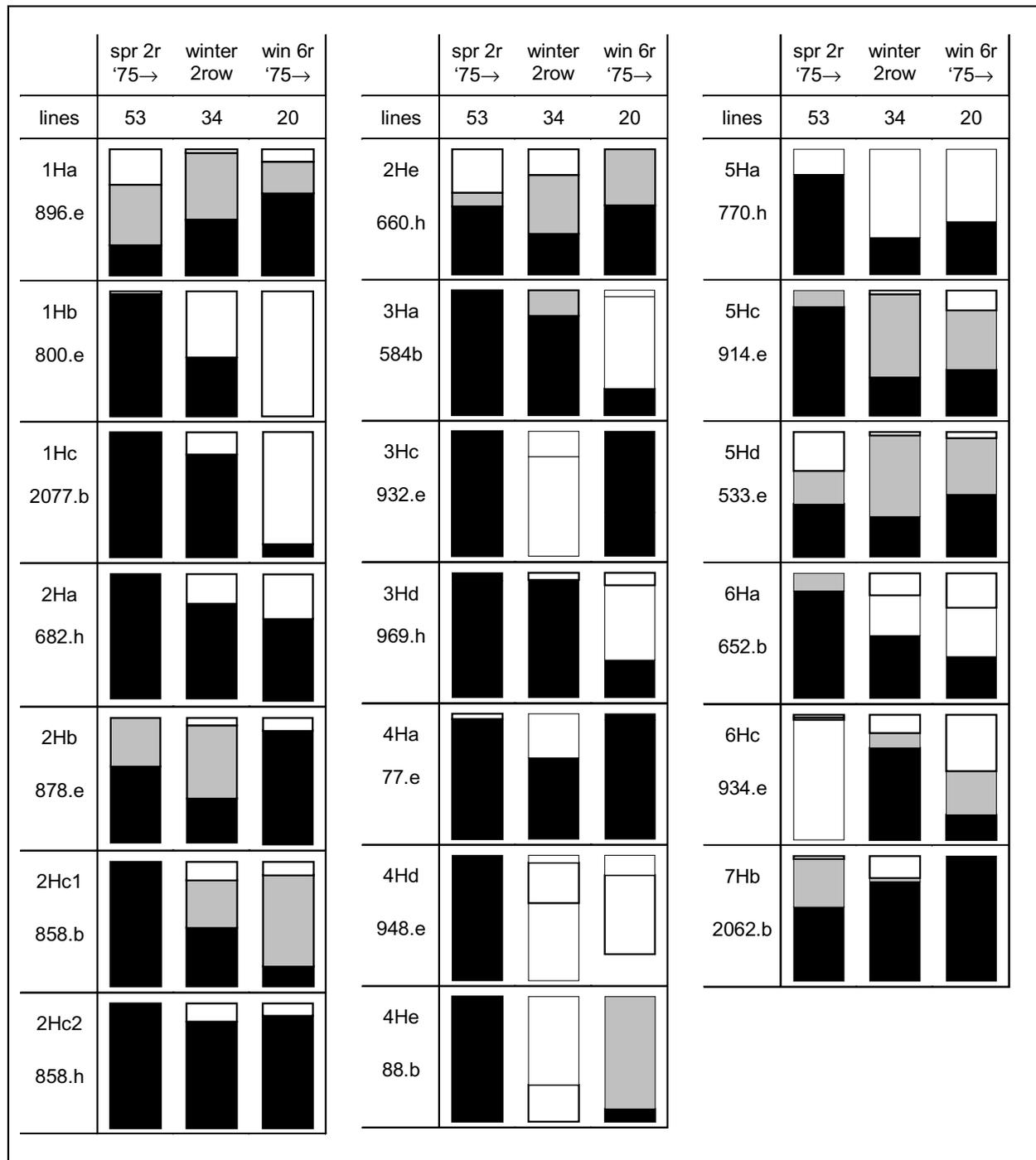


Abbildung 3: Signifikante Unterschiede ($p < 0.01$) in der Verteilung von RFLP Bandenmustern - Vergleich von 2zeiliger Wintergerste mit 2zeiliger Sommer- und mehrzeiliger Wintergerste

(Tabelle 4), so wird der Eindruck hoher Kontinuität in der Ausprägung von RFLP Polymorphismen bei der zweizeiligen Sommergerste bestätigt. Ausschlaggebend hierfür ist ein erheblich größerer Anteil bereits fixierter, oder doch nahezu fixierter Allele. Dabei fällt das hohe Maß an Übereinstimmung zwischen Land- und Zuchtsorten besonders ins Auge. Nur für wenige (in der zusammenfassenden Betrachtung der Tabelle 4

nicht im einzelnen dargestellte) Genorte treten systematische Veränderungen in der Frequenz des jeweils dominierenden Allels über die 3 Perioden hinweg in Erscheinung. Da sie sowohl in positiver als auch in negativer Richtung verzeichnet werden, heben sie sich im Gesamtdurchschnitt aber gegenseitig auf, so daß es bei einem konstanten Fixierungsindex bleibt. Im Gegensatz dazu läßt der Fixierungsindex bei der mehr-

zeiligen Wintergerste wiederum mehr Bewegung erkennen, wobei die in den älteren Zuchtsorten verzeichnete ansteigende Tendenz in den jüngeren Sorten nicht mehr fortgesetzt, sondern eher wieder rückläufig war. Bei der Gruppe der zweizeiligen Wintergerste liegt der Fixierungsindex von 0,72 sogar auf dem gleichen Niveau wie bei der Untergruppe der Landsorten mehrzeiliger Wintergerste.

Tabelle 3: Identität dominierender AFLP-Allele in zuchtperiodisch gegliederten Untergruppen von

ZP	2zeiliger Sommer-			mehrzgl. Winterg.		
	1	2	3	1	2	3
1H	a A	A/C	A	C	C	C
	b A	A	A	B	B	B
	c B	B	B	A	A	A
	d B	B	B	A	A	A
	e C	C	C	C	C	C
2H	a A	A	A	A	A	A
	b B	B	B	B	B	B
	c1 A	A	A	B	B	B
	c2 A	A	A	A	A	A
	d B	B	B	B	B	B
	e C	C	C	A	A	C
3H	a C	C	C	A	A	A
	b A	A	A	A	A	A
	c B	B	B	B	A	A
	d C	C	C	C	C	B
	e A	A	A	A	A	A
4H	a A	A	A	A	A	A
	b B	B	B	A/B	B	B
	c B	B	B	B	A	A
	d C	C	C	C	B	B
	e A	A	A	A	B	B
5H	a B	B	B	B	A	A
	b A	A	A	A	A	B
	c B	B	B	A	A	A
	d A	C	C	C	A	B/C
	e B	B	B	B	B	B
	f B	A	A	A	A	A
6H	a C	C	C	C	B	B
	b B	B	B	B	B	B
	c B	B	B	B	C	C
	d A	A	A	A/B	B	A
7H	a A	A	B	A	A	A
	b B	B	B	B	B	B

Züchtungsperiode (ZP):
 1 = Landsorten
 2 = Zuchtsorten vor 1975
 2 = Zuchtsorten seit 1975

Diskussion

Bei aller gebotenen Vorsicht, vor allem im Hinblick auf die Repräsentativität der relativ kleinen Stichproben an Landsorten von zweizeiliger Sommer- bzw. mehrzeiliger Wintergerste, drängen sich im Hinblick auf die sehr klar zutage getretenen Differenzierungen doch einige zumindest hypothetische Überlegungen zu ihrer Interpretation auf.

Trotz des Mangels an systematischen Sammlungen der im Laufe der ersten beiden Jahrzehnte des 20. Jahrhunderts verdrängten, den damaligen Gerstenanbau in Mitteleuropa gleichwohl beherrschenden Landsorten der zweizeiligen Sommergerste, läßt sich auf der schmalen Grundlage dieser Untersuchungen zumindest vermuten, daß die genetische Diversität diese Formenkreises von Anfang an sehr gering war. Diese Vermutung kann aber auch deswegen geäußert werden, weil sie sich in einen kulturgeschichtlich interessanten Zusammenhang einordnen läßt. Archäologische

Tabelle 4: Anzahl fixierter* RFLP-Allele und Frequenzmittel (FM) dominierender Allele auf den Chromosomen des Gerstengenoms in zuchtperiodisch gegliederten Untergruppen von

n	2zeiliger Sommer-				mehrzgl. Wintergerste			
	1	2	3	Mean	1	2	3	Mean
1H (5)	4(0)	3(1)	3(1)		0(1)	1(3)	2(3)	
FM	0,95	0,83	0,86	0,88	0,74	0,91	0,88	0,84
2H (6)	2(2)	2(2)	3(9)	0,82	0(2)	2(2)	1(2)	
FM	0,83	0,82	0,81	0,82	0,73	0,86	0,79	0,79
3H (5)	4(1)	4(1)	3(1)	0,95	0(2)	0(1)	0(0)	
FM	0,97	0,95	0,92	0,95	0,74	0,66	0,67	0,69
4H (5)	1(2)	1(2)	3(0)	0,80	0(0)	1(2)	1(1)	
FM	0,79	0,80	0,81	0,80	0,58	0,81	0,80	0,73
5H (6)	2(1)	1(2)	1(4)	0,78	1(0)	1(0)	1(0)	
FM	0,75	0,79	0,79	0,78	0,77	0,67	0,60	0,68
6H (4)	1(2)	2(1)	2(1)	0,88	1(0)	1(0)	1(0)	
FM	0,78	0,89	0,88	0,88	0,60	0,67	0,60	0,68
7H (2)	0(0)	0(0)	0(0)	0,64	0(2)	0(2)	1(0)	
FM	0,73	0,62	0,57	0,64	0,89	0,87	0,89	0,88
Gesamt	13(7)	13(8)	15(6)		2(7)	7(10)	6(5)	
FM	0,73	0,62	0,89		0,89	0,89	0,89	

* erste Zahl: F über 0,95
 in Klammern: F über 0,80 – unter 0,95

Funde belegen (KÖRBER-GROHNE, 1987), daß es erst im Mittelalter zur Verdrängung des bis dahin absolut vorherrschenden Anbaus mehrzeiliger Gerste gekommen ist. Es fällt nicht schwer, hier einen Zusammenhang mit der an Bedeutung gewinnenden Verwertung der Gerste zu Brauzwecken zu vermuten. Die relativ breite Fundierung der späteren Sommergerstenzüchtung auf einheimischen Landsorten (FISCHBECK, 1992) muß daher nicht unbedingt eine große genetische Diversität widerspiegeln, da nicht auszuschließen ist, daß die erst seit dem Mittelalter auftretenden zweizeiligen Ausgangsformen auf Wegen des Saatgutverkehrs verbreitet worden sind. In diese hypothetische Vorstellung würde zwar auch die Annahme passen, daß in der nur kleinen Stichprobe von Landsorten der mehrzeiligen Wintergerste ein deutlich höheres Niveau an genetischer Diversität ermittelt wurde, und sie insofern möglicherweise einen Abglanz der vorher mehrtausendjährig in Europa dominierenden mehrzeiligen Sommergerste darstellt, der sich möglicherweise in wintermilden Lagen in Form von Herbstaussaaten erhalten hat. Jedoch kann auch die Einbeziehung einiger Genotypen südosteuropäischer Herkunft in die Stichprobe der Landsorten bei Wintergerste dabei eine Rolle spielen. Unab-

hängig davon ist jedoch festzustellen, daß die erst später einsetzende Züchtung mehrzeiliger Wintergersten die einheimische Landsortenbasis vergleichsweise wenig in Anspruch genommen hat, wie dies durch die Abstammung ihrer älteren Zuchtsorten belegt ist (FISCHBECK, 1992). In diese Überlegung fügt sich nahezu zwanglos die in den vorliegenden Untersuchungen zweifelsfrei belegte Tatsache ein, daß zwischen den hier untersuchten Land- und Zuchtsorten der mehrzeiligen Wintergerste eine deutlich wahrnehmbare Diskontinuität an genetischer Diversität besteht. Die stärkere Profilierung der genetischen Diversität zwischen den Zuchtsorten von zweizeiliger Sommer- und mehrzeiliger Wintergerste wäre dann eher den Aktivitäten der Kreuzungszüchtung bei Wintergerste als ihrer Landsortenbasis zuzuschreiben. Sie könnte demnach einen Vorgang darstellen, wie er sich in der Züchtung zweizeiliger Wintergerste gegenwärtig in abgewandelter aber prinzipiell ähnlicher Weise wiederholt.

Nicht nur wissenschaftlich interessant sondern auch züchterisch bedeutsam dürfte der Befund sein, daß für die qualitative Differenzierung im RFLP Polymorphismus zwischen zweizeiliger Sommer- und mehrzeiliger Wintergerste das Chromosom 2H, auf dem das Hauptgen für Zeiligkeit lokalisiert ist, eine geringere Rolle spielt als die Chromosomen 1H, 4H und 5H. Wenngleich für die beiden zuletzt genannten Chromosomen eine herausragende Rolle für die Differenzierung zwischen ein- und überjährigen Wuchstypen auf Grund der bekannten Lokalisierung anderer Hauptgene z. B. für Vernalisationsbedürfnis anzunehmen ist, deuten die Befunde aus diesen Untersuchungen doch auch darauf hin, daß die aus züchterischer Sicht erfolgreichen Rekombinationen (d. h. zugelassene Sorten) innerhalb des Gerstengenoms regelmäßig Resonanzen einschließen, die weit über die engere chromosomale Umgebung der grundlegenden Strukturgene hinausgehen, im einzelnen jedoch bislang nicht geklärt sind.

Werden auch die Mittelwerte der Fixierung der jeweils dominierenden Allele in die Betrachtung einbezogen, so fallen nicht die generell höheren Werte bei zweizeiliger Sommergerste, sondern

auch chromosomenspezifische Differenzierungen zwischen den beiden Hauptnutzungsformen des Gerstensortimentes ins Auge. Während für die RFLP Loci auf Chromosom 1H in beiden Gruppen ein hoher Fixierungswert registriert wird, sind für die Chromosomen 3H und 6H markante Unterschiede zugunsten stärkerer Fixierung bei zweizeiliger Sommergerste verzeichnet. Dazu kommt, daß trotz der generell geringeren Fixierung dominierender Allele auf den Chromosomen 4H und 5H die höheren Durchschnittswerte ebenfalls auf die zweizeilige Sommergerste entfallen. Die deutliche Abstufung des Fixierungsgrades in umgekehrter Richtung auf Chromosom 7H (bei allerdings nur zwei in die Untersuchung einbezogenen Loci) bildet nur ein geringes Gegengewicht

Es liegt nahe, in dem hohen Niveau an Allel-Fixierung bei der zweizeiligen Sommergerste stärkere Beeinträchtigungen in den genetischen Rekombinationsmöglichkeiten für erfolgreiche Sortenzulassungen mit einer engeren Bindung an Merkmale der Brauqualität zu vermuten. In der Tat sind QTL's für Merkmale der Brauqualität bereits auf jedem der 7 Chromosomen des Gerstengenoms lokalisiert worden.

In einer von ZALE et al. (1999) auf der Grundlage von 8 einschlägigen Kreuzungen erstellten Konsensuskarte erstrecken sich solche QTL's sogar über 50 bis 90% der betreffenden cM Karten. Die höchsten Werte entfallen dabei auf die Chromosomen 2H und 3H. Der besonders hohe Fixierungsgrad dominierender RFLP Allele auf Chromosom 3H der zweizeiligen Sommergerste könnte z. B. damit in Zusammenhang stehen, wenn gleich der weitaus geringere Unterschied zur mehrzeiligen Wintergerste für Chromosom 2H nicht in dieses Bild paßt. Von ZALE et al. werden etwa 60% der Länge des Chromosoms 1H von QTL's für Brauqualität in Anspruch genommen; der in unserer Untersuchung ermittelte sehr hohe Fixierungsgrad für beide Sortengruppen scheint aber eher mit seiner kontrastierenden Bedeutung für die Ausprägung des Ährentyps in Zusammenhang zu stehen. Auf den Chromosomen 4H und 5H nehmen QTL's für Brauqualität nach Zale et al. etwa 77% bzw. 54% ihrer jeweiligen Länge ein. Das generell niedrigere Niveau der Allelfixierung die-

ser Chromosomen kann aber auch mit differierenden Merkmalen für Standortanpassung (Photoperiode und Vernalisationsbedarf) in Zusammenhang gebracht werden.

Ohne konkrete Kopplungsstudien lassen sich solche Zusammenhänge jedoch höchstens vermuten, und es soll auch keinesfalls der Eindruck erweckt werden, als könnten 4 - 6 RFLP Loci pro Chromosom schon allgemein gültige Aussagen über ihren züchterisch bedeutsamen Inhalt an genetischen Informationen vermitteln.

Aus der Fachliteratur ist bekannt, daß die nach Anwendung unterschiedlicher Markersysteme an gleichartigem Untersuchungsmaterial ermittelten Diversitätsindices erheblich voneinander abweichen können (RUSSEL et al., 1997; NEVO, 2001). Trotz mancher grundlegender Vorteile im Zusammenhang mit sicherer Lokalisierung, werden RFLP Sonden in umfangreicheren Studien über genetische Diversität nicht sehr häufig eingesetzt, vor allem im Hinblick auf den dafür erforderlichen Kosten- und Laboraufwand. Bei RUSSEL et al. (1997) bewegte sich die mit Hilfe von RFLP Polymorphismen an gleichartigem Untersuchungsmaterial quantifizierte genetische Diversität auf deutlich niedrigerem Niveau als bei anderen Markersystemen, erwies sich jedoch als vorteilhaft für die Erkennung genetisch differenzierter Gruppierungen. Untersuchungen von GRANER et al. (1994) haben andererseits nur wenig Übereinstimmung zwischen Verwandtschaftskoeffizienten von Gerstensorten und ihrer RFLP Diversität gefunden, und sehen in der RFLP Diversität das bessere Maß für die Auswahl von Kreuzungseltern. Während alle einschlägigen Untersuchungen darin übereinstimmen, daß Wildgerstenpopulationen im Vergleich mit Kulturgersten erheblich mehr genetische Diversität aufweisen (Übersicht bei NEVO et al., 1992), sind die bisherigen Untersuchungsergebnisse aus Vergleichen zwischen Land- und Zuchtsorten weniger einheitlich (PETERSEN et al., 1994; BJORNSTAD et al., 1997; DEMISSIE et al., 1998). Quantifizierende Untersuchungen über Veränderungen genetischer Diversität der Kulturgerste unter dem Einfluß fortschreitender Züchtungs-

aktivitäten fehlen bislang jedoch noch weitgehend.

Angesichts der überraschend klaren Differenzierungen, die in der vorliegenden Untersuchung zwischen den verschiedenen Untergruppen der Kulturgerste dokumentiert werden konnten, ist wohl auch die weitere Frage zu stellen, ob nicht schon die Auswahl der in die Untersuchung einbezogenen RFLP Sonden, d. h. die Beschränkung auf Genorte mit nur wenigen und für jede an der Musterbildung beteiligte Bande klar unterscheidbaren Positionen dafür die Grundlagen gelegt hat; insbesondere wenn dies in Verbindung gebracht wird mit der bevorzugten Auswahl erfolgreicher Genotypen, wie sie dieser Untersuchung zugrunde lag. Da die Beteiligung kodierender DNA Sequenzen wohl ebenso ausgeschlossen werden kann, wie eine Identität mit hochgradig repetitiver DNA, bliebe die Vermutung, daß die an der Gruppendifferenzierung beteiligten 'single' oder 'low copy' Bruchstücke auf einer im einzelnen nicht geklärten Grundlage besonders geeignet sind, DNA Profile aufzudecken, welche die hier untersuchten Nutzungsformen der Kulturgerste charakterisieren, in gewisser Weise also einen Rahmen setzen, in dem sich erfolgreiche Genotypen der zweizeiligen Sommer- bzw. mehrzeiligen Wintergerste und auch - wie ebenfalls bereits erkennbar der zweizeiligen Wintergerste etabliert haben. Dieser Rahmen kann enger (wie bei der zweizeiligen Sommergerste) oder weiter (wie bei der mehrzeiligen Wintergerste) gefaßt sein. Er schließt jedenfalls aber nicht aus, daß auch innerhalb eines derartigen Rahmens ein Potential an genetischer Diversität existiert, das in Form erfolgreicher Rekombinationen (d. h. Neuzuchten) den züchterischen Fortschritt innerhalb dieser Nutzungsformen ermöglicht hat. Gleichwohl kann die Realisierung solcher Fortschritte innerhalb eines enger gespannten Rahmens durchaus erschwert werden. Er kann aber auch aufgebrochen werden, wie das Beispiel der Zuchtsorten mehrzeiliger Wintergerste ebenso wie die möglicherweise im Gang befindliche Rahmenbildung der zweizeiligen Wintergerste vermuten läßt. Man darf daher gespannt sein, zu welchen Ergebnissen die im Gang befindlichen Projekte von 'advanced backcrosses' bei

zweizeiliger Sommergerste führen werden. Es dürfte darüber hinaus aber auch interessant sein, in weiteren Untersuchungen den Versuch zu unternehmen, den Ursachen für die profilbildenden Effekte der hier postulierten ‚Rahmen RFLP's' nachzuspüren.

Literatur

- BOTHMER, R. von, G. FISCHBECK, Th. van HINTUM and H. KNÜPFER, 1990: The barley core collection. Report to the BCC working group. CGN. Wageningen.
- BJORNSTAD, A., A. DEMISSIE, A. KILIAN and A. KLEINHOF: 1997: The distinctness and diversity of Ethiopian barleys. *Theor. Appl. Gen.* 94, 514-521.
- DEMISSIE, A., A. BJORNSTAD and A. KLEINHOF, 1998: Restriction Fragment Length Polymorphisms in landrace barleys from Ethiopia in relation to geographic, altitude and agro-ecological factors. *Crop Sci.* 38, 237-243.
- FISCHBECK, G., 1992: Barley cultivar development in Europe. Success in the past and possible changes in the future. *Barley Genetics VI*. Munksgaard, Copenhagen. p. 887-901.
- GRANER, A., A. JAHOOOR, J. SCHONDELMAIER, S. SIEDLER, K. PILLEN, G. FISCHBECK, G. WENZEL and R. G. HERMANN, 1991: Construction of an RFLP map for barley. *Theor. Appl. Gen.* 83, 250-256.
- GRANER, A., W. F. LUDWIG and A. MELCHINGER, 1994: Relationships among European barley germplasm. II. Comparison of RFLP and pedigree data. *Crop Sci.* 34, 1199-1205.
- HATZ, B., 1997: Untersuchungen der genetischen Diversität der Gattung *Hordeum* mit molekularen Markertechniken. Diss. TU München Weihenstephan.
- KÖRBER-GROHNE, U., 1987: Nutzpflanzen in Deutschland, Kulturgeschichte und Biologie. Theiss, Stuttgart. p. 49.
- NEI, M., 1973: Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA.* 70, 3321-3323.
- NEVO, E., 1992: Origin, evolution, population genetics and resources for breeding of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in the fertile crescent. In P.R. Shewry (ed.) *Barley, genetics, biochemistry, molecular biology and biotechnology* C.A.B. International: 19-43.
- NEVO, E., 2001. Genetic resources of wild emmer, *T. dicoccoides* for wheat improvement in the third millenium. *Isr. J. Plant Sci.* 49, S 77-91.
- PETERSEN, L., H. ØSTERGARD, H. GIESE, 1994: Genetic diversity among wild and cultivated barley as revealed by RFLP. *Theor. Appl. Gen.* 89, 676-681.
- RUSSEL, J.R., I.D. FULLER, M. MACCAULY, B. G. HATZ, A. JAHOOOR, W. POWELL and R. WAUGH, 1997: Direct comparison of genetic variation among barley accessions detected by RFLP's, AFLP's, SSR's and RAPD's. *Theor. Appl. Gen.* 95, 714-722.
- ZALE, J. M., J. A. CLANCY, S. E. ULRICH, B. L. JONES and P. M. HAYES, 2000: Summary of barley malting quality QTL's mapped in various populations. *BGN* 30, 10p.

