

Markus Peter Herz

**Kartierung quantitativ vererbter  
Eigenschaften einschließlich Brauqualität und  
Resistenz gegen Krankheiten mit molekularen  
Markern in Gerste**

2., unveränderte Auflage



## **Agrarwissenschaften**

Zugl.: Diss., 2000

Bibliografische Information der Deutschen  
Nationalbibliothek:

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese  
Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie;  
detaillierte bibliografische Daten sind im Internet  
über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

Dieses Werk ist urheberrechtlich geschützt.  
Die dadurch begründeten Rechte, insbesondere die  
der Übersetzung, des Nachdrucks, der Entnahme  
von Abbildungen, der Wiedergabe auf foto-  
mechanischem oder ähnlichem Wege und der  
Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen bleiben  
– auch bei nur auszugsweiser Verwendung –  
vorbehalten.

2., unveränderte Auflage (Erstaufgabe 2000)  
frühere Ausgabe: ISBN 978-3-89675-794-4 (2000)

Copyright © utzverlag GmbH · 2021

ISBN 978-3-8316-8522-6

Printed in EU  
utzverlag GmbH, München  
[www.utzverlag.de](http://www.utzverlag.de)

# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>EINLEITUNG .....</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>LITERATURÜBERSICHT .....</b>	<b>2</b>
2.1	Die Komponenten der Brauqualität und ihre Feststellung.....	2
2.2	Molekulare Marker.....	6
2.2.1	RFLP-Marker.....	6
2.2.2	PCR-basierte Markersysteme .....	7
2.2.2.1	Microsatelliten .....	7
2.2.2.2	AFLP-Marker .....	8
2.2.2.3	RAPD-Marker .....	10
2.2.2.4	STS-Marker.....	10
2.3	Quantitative Genetik und QTL-Analyse .....	11
2.3.1	Grundlagen der QTL-Analyse mit molekularen Markern.....	12
2.3.2	Statistische Methoden für die QTL-Analyse mit molekularen Markern.....	13
2.3.3	Methoden zur gezielten Analyse von QTLs.....	15
2.4	Übersicht über QTL-Kartierungen mit genetischen Markern.....	18
<b>3</b>	<b>MATERIAL UND METHODEN .....</b>	<b>21</b>
3.1	Material.....	21
3.1.1	Pflanzenmaterial .....	21
3.1.2	Enzyme und Lösungen .....	21
3.1.2.1	Enzyme .....	21
3.1.2.2	Basislösungen.....	22
3.1.3	Materialien und Lösungen für einzelne Arbeitsgänge .....	24
3.1.3.1	Lösungen zur DNA-Isolation.....	24
3.1.3.2	Puffer für die Elektrophorese und das Blotten.....	24
3.1.3.3	Material für die Sondenmarkierung und das Hybridisieren....	24
3.1.3.4	Lösungen für die AFLP-Analyse.....	26

---

3.1.4	Auswahl der RFLP-Sonden.....	26
3.1.5	Auswahl der Microsatelliten.....	26
3.1.6	Oligonukleotide für die AFLP-Analyse.....	28
3.2	Methoden.....	30
3.2.1	Durchführung der Feldversuche.....	30
3.2.2	Ermittlung der Merkmalsdaten .....	31
3.2.3	DNA-Isolation .....	33
3.2.4	RFLP-Analyse.....	34
3.2.4.1	Erstellung der Blots .....	34
3.2.4.2	Isolation von Plasmid DNA.....	35
3.2.4.3	Sondenmarkierung .....	36
3.2.4.4	Hybridisation.....	37
3.2.5	Microsatelliten Analyse .....	38
3.2.6	Nichtradioaktive AFLP-Analyse.....	41
3.2.7	Automatische Fragmentanalyse mit Genotyper .....	46
3.2.7.1	Analyse von Microsatelliten.....	46
3.2.7.2	Analyse von AFLP-Fragmenten .....	47
3.2.8	Datenauswertung.....	49
3.2.8.1	Untersuchung auf gestörte Spaltung.....	49
3.2.8.2	Erstellung der Kopplungskarte .....	50
3.2.8.3	Überprüfung auf Normalverteilung .....	51
3.2.8.4	Korrelationen zwischen Merkmalen.....	51
3.2.8.5	Varianzanalyse.....	52
3.2.8.6	Berechnung der Heritabilität.....	53
3.2.8.7	QTL-Analyse .....	53
<b>4</b>	<b>ERGEBNISSE.....</b>	<b>55</b>
4.1	Genetische Kartierung.....	55
4.1.1	Polymorphiegrad.....	55
4.1.1.1	Microsatelliten .....	55
4.1.1.2	RFLP-Marker.....	55
4.1.1.3	AFLP-Marker .....	55
4.1.2	Untersuchung auf gestörte Spaltung.....	56

4.2	Erstellung der Kopplungskarte.....	57
4.3	Auswertung der Merkmalsdaten.....	60
4.3.1	Überblick über die Merkmalsausprägung.....	60
4.3.2	Auswertung agronomischer Merkmale.....	62
4.3.2.1	Halmknicken (brk).....	62
4.3.2.2	Verzweigung (dwf).....	63
4.3.2.3	Ährenknicken (ebr).....	64
4.3.2.4	Fasergehalt (fbr).....	65
4.3.2.5	Ertragsparameter.....	66
4.3.2.6	Zeitpunkt des Ährenschiebens (hdm, hdj).....	68
4.3.2.7	Lagerneigung (ldg).....	70
4.3.2.8	Halmhöhe (lng).....	72
4.3.2.9	Wassergehalt im Korn (mst).....	74
4.3.2.10	Reifezeitpunkt (rpg).....	75
4.3.2.11	Blattflecken (spt).....	76
4.3.2.12	Stärkegehalt (src).....	77
4.3.2.13	Tausendkorngewicht (tgw).....	78
4.3.3	Auswertung von Resistenz gegen Krankheiten.....	80
4.3.3.1	Resistenz gegen echten Mehltau ( <i>Erysiphe graminis</i> ) (pml).....	80
4.3.3.2	Befall mit <i>Rhynchosporium secalis</i> (rhy).....	82
4.3.3.3	Befall mit Netzflecken (nbl).....	83
4.3.4	Auswertung der Merkmale für Malzqualität.....	84
4.3.4.1	Vergleich der verschiedenen Mälzungsverfahren.....	84
4.3.4.2	Endvergärungsgrad (apt).....	86
4.3.4.3	Kochfarbe (col).....	87
4.3.4.4	Extrakt Differenz (dex).....	88
4.3.4.5	Feinextraktgehalt (fex, mex).....	89
4.3.4.6	Friabilimeter (frb).....	91
4.3.4.7	Beta-Glucangehalt in der Würze (gwr).....	92
4.3.4.8	Kolbachindex (kix, kiw).....	93
4.3.4.9	Mahlwiderstand (mem, men).....	95
4.3.4.10	Löslicher Stickstoff (sln, nwr).....	97
4.3.4.11	Der pH-Wert (phw).....	99

4.3.4.12	Kornproteingehalt (prt, prb) .....	100
4.3.4.13	Malzproteingehalt (prm, pro) .....	102
4.3.4.14	Unmodifiziertes Korn (umg) .....	104
4.3.4.15	Viskosität der Würze (vis, viw) .....	105
4.3.4.16	Wassergehalt im Korn (wrb) .....	107
4.3.4.17	Wassergehalt im Malz (wrm) .....	108
4.3.4.18	Korngrößenanteil über 2,5 mm (x25) .....	109
4.3.4.19	Korngrößenanteil über 2,8 mm (x28) .....	111
4.3.4.20	Hektolitergewicht (hlw) .....	114
4.3.5	Korrelationen von Malzqualität und agronomischen Merkmalen .....	115
4.4	QTL- Kartierung .....	115
4.4.1	Kartierung von QTLs für agronomische Eigenschaften .....	115
4.4.1.1	Halmknicken .....	115
4.4.1.2	Verzweigung .....	116
4.4.1.3	Korngrößenanteil >2,2 mm .....	117
4.4.1.4	Wassergehalt im Korn .....	117
4.4.1.5	Zeitpunkt des Ährenschiebens .....	118
4.4.1.6	Ertragsparameter .....	119
4.4.1.7	Lagerneigung .....	120
4.4.1.8	Halmlänge .....	120
4.4.1.9	Stärkegehalt .....	121
4.4.1.10	Tausendkorngewicht .....	122
4.4.2	Resistenz gegen Krankheiten .....	123
4.4.2.1	Befall mit Mehltau .....	123
4.4.2.2	Befall mit <i>Rhynchosporium secalis</i> .....	124
4.4.2.3	Befall mit Netzflecken .....	124
4.4.2.4	Blattflecken .....	124
4.4.3	Kartierung von QTLs für Malzqualitätseigenschaften .....	125
4.4.3.1	Parameter der Kornanalyse .....	125
4.4.3.2	Proteolytische Parameter .....	127
4.4.3.3	Cytolytische Parameter .....	129
4.4.3.4	Amylolytische Parameter .....	131
4.4.4	Nicht kartierte Merkmale .....	132

---

<b>5</b>	<b>DISKUSSION</b> .....	<b>141</b>
5.1	Genetische Kartierung.....	141
5.1.1	Analyse nicht radioaktiv markierter DNA-Fragmente .....	141
5.1.2	Polymorphiegrad und schiefe Spaltung.....	142
5.2	Die Ausprägung der Merkmale in der Population und den Eltern.....	144
5.2.1	Abweichungen vom Mittel der Eltern.....	144
5.2.2	Korrelationen zwischen Merkmalen .....	145
5.2.3	Die Ausprägung von Merkmalen in verschiedenen Umwelten.....	146
5.2.4	Einflüsse qualitativer Loci auf die Merkmalsausprägung.....	148
5.3	Die Güte der Kartierung quantitativer Merkmale.....	152
5.4	Gemeinsamkeiten zwischen kartierten QTLs .....	155
5.4.1	Agronomische Merkmale.....	156
5.4.2	Merkmale für Malzqualität .....	161
5.5	Weitere Anwendung von QTL-Karten.....	166
<b>6</b>	<b>ZUSAMMENFASSUNG</b> .....	<b>171</b>
<b>7</b>	<b>LITERATURVERZEICHNIS</b> .....	<b>174</b>
<b>8</b>	<b>ANHANG</b> .....	<b>190</b>
8.1	Verzeichnis der Chemikalien .....	190
8.2	Auf Polymorphie untersuchte RFLP-Sonden.....	191
8.3	Darstellung der zur Micromälzung eingesetzten Verfahren .....	193
8.4	Übersicht über die Spaltung der Markerallele.....	193
8.5	Korrelationen von agronomischen Merkmalen zu Malzqualität.....	196
8.6	Verteilung der Allelklassen der kartierten Marker über die Chromosomen ...	197
8.7	LOD-Werte über den Chromosomenverlauf .....	200
8.8	Abkürzungsverzeichnis.....	207

## 1 Einleitung

Neben der Verbesserung qualitativer Merkmale wie Resistenzeigenschaften oder bestimmter morphologischer Ausprägungen hat in der Pflanzenzüchtung die Anpassung von Sorten an bestimmte Umweltbedingungen und Qualitätsbedürfnisse seit jeher große Bedeutung. Die meisten agronomischen Eigenschaften und Qualitätsmerkmale zeigen allerdings eine kontinuierliche Merkmalsausprägung, und damit quantitative Vererbung.

Die Aufklärung der genetischen Basis derartiger Eigenschaften in Kulturpflanzen verspricht sowohl eine Erleichterung der Selektion durch genetische Marker als auch ein besseres Verständnis der Expressions- und Regulationsmechanismen von Genen. Für Gerste (*Hordeum vulgare* L.) existieren über vierzig Studien, in denen QTLs analysiert und Versuche zur Marker gestützten Selektion durchgeführt wurden. Die meisten Autoren setzten zur Erstellung der Kopplungskarten die gut untersuchten RFLP-Marker ein. Deren Nachteil für eine Verbreitung in der praktischen Pflanzenzüchtung ist jedoch der große experimentelle Aufwand.

Durch die Entwicklung von Markertechniken, die durch ihre leichte Handhabung auf der Grundlage von PCR und nicht radioaktiven Markierungsmethoden auch in großem Maßstab effektiv einsetzbar sind, wird der Pflanzenzüchtung die Möglichkeit geboten, auf breiter Basis Selektion mit molekularen Markern anzuwenden. Der Fortschritt der Datenverarbeitung ermöglicht zusätzlich, die Markerinformationen mit speziellen Computerprogrammen auszuwerten und weiter zu verrechnen.

Besonders für die Analyse der Brauqualität von Gerste sind Verfahren notwendig, welche sehr kostenaufwendig sind und eine große Menge an Saatgut erfordern, so dass diese Analysen erst relativ spät im Züchtungsgang genutzt werden können. Gerade für solche Merkmale wäre eine Marker gestützte Selektion von Vorteil.

Ziel der vorliegenden Arbeit war es, zu zeigen, dass durch die Anwendung von fluoreszenzmarkierten PCR-Markern und computergestützter Auswertung eine effektive Genomkartierung möglich ist. Durch die Lokalisierung von QTLs für agronomische Merkmale und Qualitätseigenschaften sowie von Resistenzen gegen Krankheiten sollte ein Überblick über die Verteilung von Einflussfaktoren auf quantitative Merkmale im Gerstengenom gegeben und der Vergleich mit anderen Ergebnissen ermöglicht werden. Die Analyse über verschiedene Umwelten sollte Rückschlüsse auf die Wechselwirkungen zwischen Genotyp und Umwelt ermöglichen.