



Forschungsbericht

Nr. 119

Die Erhaltung der genetischen Diversität bei Getreide.

**Auswahl einer Gersten Core-Collection aufgrund
geographischer Herkunft, Abstammung, Morphologie,
Qualität, Anbaubedeutung und DNA Markeranalysen**

Tobias Reetz

Jens Léon

Institut für Pflanzenbau

Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Herausgeber: Lehr- und Forschungsschwerpunkt „Umweltverträgliche und Standortgerechte Landwirtschaft“, Landwirtschaftliche Fakultät der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Endenicher Allee 15, 53115 Bonn
Tel.: 0228-73 2297; Fax.: 0228-73 1776
www.usl.uni-bonn.de

Forschungsvorhaben im Auftrag des Ministeriums für Umwelt und Naturschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-Westfalen

Bonn, September 2004

ISSN 1610-2460

Projektleitung: Prof. Dr. Jens Léon

Projektbearbeiter: Tobias Carsten Reetz (Diplom-Biologe)

Institut für Pflanzenbau
Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Katzenburgweg 5
53115 Bonn
Tel.: 0228-73 2032; Fax.: 0228-73 2045
email: t.reetz@uni-bonn.de
www.ipf.uni-bonn.de

INHALTSVERZEICHNIS

1. EINLEITUNG.....	1
1.1 TAXONOMISCHE EINORDNUNG DER GERSTE (<i>HORDEUM VULGARE</i> SSP. <i>VULGARE</i>)	1
1.2 DER GENPOOL DER GERSTE	1
1.3 URSPRUNG UND DOMESTIKATION DER GERSTE	3
1.4 GERSTENZÜCHTUNG IN DEUTSCHLAND.....	4
1.5 DIE ENTWICKLUNG DER GENETISCHEN DIVERSITÄT IN DER KULTURGERSTE.....	5
1.6 DIE ERHALTUNG GENETISCHER RESSOURCEN ALS WISSENSCHAFTLICHE AUFGABE	6
1.7 DIE GERSTEN CORE-COLLECTION	7
1.8 DIE CORE-COLLECTION NORDRHEIN-WESTFALEN (CC-NRW).....	8
1.9 MARKERSYSTEME ZUR EVALUIERUNG DER GENETISCHEN DIVERSITÄT IN KULTURPFLANZEN	9
1.10 ZIEL DER ARBEIT.....	11
2. MATERIAL UND METHODEN	12
2.1 PHÄNOTYPISCHE MERKMALSERHEBUNG.....	12
2.1.1 PFLANZENMATERIAL	12
2.1.2 STRATEGIEN ZUR AUSWAHL DER ZU EVALUIERENDEN GERSTEN-MUSTER	12
2.1.3 STANDORT.....	14
2.1.4 VERSUCHSANLAGE UND AUSSAAT.....	14
2.1.5 PFLANZENSCHUTZ UND DÜNGUNG.....	15
2.1.6 BONITUR UND ERNTE	16
2.2 BIOCHEMISCHE MERKMALSERHEBUNG	18
2.2.1 β -GLUKANANALYSE.....	18
2.2.2 GESAMTSTICKSTOFF/-KOHLENSTOFFANALYSE (C/N-ANALYSE)	20
2.3 MOLEKULARBIOLOGISCHE MERKMALSERHEBUNG	22
2.3.1 ISOLIERUNG VON DNA AUS GERSTENBLATTMATERIAL	22
2.3.2 MIKROSATELLITEN – MARKER (SSR – MARKER)	23
2.3.3 AMPLIFIKATION VON SPEZIFISCHEN DNA – FRAGMENTEN MITTELS POLYMERASE – KETTEN – REAKTION (PCR)	27
2.3.4 GELELEKTROPHORETISCHE AUFTRENNUNG DER AMPLIFIZIERTEN DNA – FRAGMENTE.....	28
2.3.5 SILBERFÄRBUNG.....	29
2.3.6 AUSWERTUNG DER BANDENMUSTER.....	30
2.4 ABSTAMMUNGSANALYSE AUF BASIS DER SSR-MARKER MIT HILFE NTSYSPC-SOFTWARE	31
2.5 ABSTAMMUNGSANALYSE AUF BASIS DER KREUZUNGSINFORMATIONEN MIT HILFE DER NTSYSPC- SOFTWARE.....	33

2.6	HAUPTKOORDINATENANALYSE (PRINCIPAL COORDINATE ANALYSIS, PCoA).....	33
3.	ERGEBNISSE.....	34
3.1	ANALYSE DER SOMMERGERSTENMUSTER	34
3.1.1	ABSTAMMUNGSANALYSE AUF BASIS DER KREUZUNGSELTERINFORMATIONEN	34
3.1.2	ABSTAMMUNGSANALYSE AUF BASIS DER SSR-MARKERANALYSE.....	37
3.1.3	HAUPTKOORDINATENANALYSE (PRINCIPAL COORDINATE ANALYSIS, PCoA)	41
3.2	DIE MUSTER DER SOMMERGERSTEN CORE-COLLECTION	43
3.3	ANALYSE DER WINTERGERSTENMUSTER	44
3.3.1	ABSTAMMUNGSANALYSE AUF BASIS DER KREUZUNGSELTERINFORMATIONEN	44
3.3.2	ABSTAMMUNGSANALYSE AUF BASIS DER SSR-MARKERANALYSE.....	47
3.3.3	HAUPTKOORDINATENANALYSE (PRINCIPAL COORDINATE ANALYSIS, PCoA) WINTERGERSTE	50
3.4	DIE MUSTER DER WINTERGERSTEN CORE-COLLECTION	52
3.5	DIE GERSTEN CORE-COLLECTION FÜR NORDRHEIN WESTFALEN (CC-NRW)	53
3.6	MODIFIKATIONSMÖGLICHKEITEN DER GERSTEN CORE-COLLECTION FÜR NRW	54
4.	DISKUSSION.....	55
5.	LITERATURVERZEICHNIS.....	56
6.	ABBILDUNGSVERZEICHNIS	60
7.	TABELLENVERZEICHNIS.....	62
8.	ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS	63
9.	ANHANG.....	64
9.1	INFORMATIONEN ZUR ABSTAMMUNG UND ZULASSUNG DER UNTERSUCHTEN KULTURGERSTEN- SORTEN.....	64
10.	KONSEQUENZEN FÜR EVENTUELLE WEITERE FORSCHUNGSAKTIVITÄTEN	72
11.	LIST ÜBER PUBLIKATIONEN, VORFÜHRUNGEN UND DEMONSTRATIONEN ...	73
11.1	PUBLIKATIONEN	73
11.2	DEMONSTRATIONEN.....	74
12.	KURZFASSUNG	75

13. DANKSAGUNG.....77

1. Einleitung

Seit Jahrhunderten zählt die Gerste (*Hordeum vulgare* L.) zu den bedeutendsten Kulturpflanzen des Menschen. Im Zuge der Industrialisierung der Landwirtschaft wurde das breite Spektrum “alter Landsorten” durch wenige, moderne Elitesorten ersetzt. Diese Einschränkung auf wenige Elitesorten führte zu einem Verlust an Diversität im praktischen Anbau, der auch durch modernste Züchtungsmethoden nicht mehr rückgängig gemacht werden kann. Wenn “Exoten” und “Wildformen” aussterben, führt das zu einem irreversiblen Verlust an genetischer Diversität.

1.1 Taxonomische Einordnung der Gerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*)

Die Kulturgerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) gehört, zusammen mit Weizen (*Triticum aestivum* L.), Roggen (*Secale cereale* L.) und anderen bedeutenden Grünfütterpflanzen, wie z.B. dem Weizengras (*Agropyron cristatum* (L.) Gaertn.), zur Unterfamilie der Triticeae (Tabelle 1.1). Viele der heutigen Getreidearten, die zum Fortbestehen der menschlichen Art beitragen, sind aus dieser Unterfamilie der Familie der Poaceae hervorgegangen.

Tabelle 1.1: Systematik von *Hordeum vulgare* (Gerste)

Ordnung:	Poales (ca. 8000 – 9000 Arten!)
Familie:	Poaceae (Süßgräser)
Unterfamilie:	Triticeae
Untergruppe:	Hordeinae
Gattung:	Hordeum
Arten:	<i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>vulgare</i> (Kulturgerste) <i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>spontaneum</i> (Wildgerste) <i>Hordeum murinum</i> (Mäusegerste)

1.2 Der Genpool der Gerste

Die Einteilung der Gerste und ihrer verwandten Wildarten kann, wie bei vielen anderen Kulturarten, unter zu Hilfenahme des Genpool-Konzeptes nach Harlan und de Wet (1971) vorgenommen werden (Abbildung 1.1).

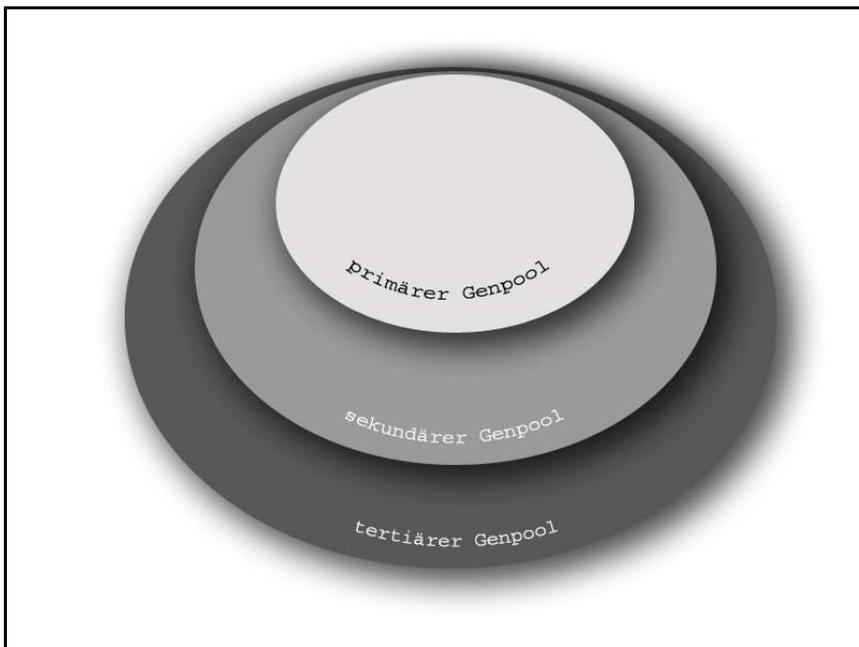


Abbildung 1.1: Schematische Darstellung des Genpools der Kulturgerste (*Hordeum vulgare*) nach Harlan und de Wet (1971).

Hierbei unterscheidet man, je nach Kreuzbarkeit drei (primär, sekundär und tertiär) distinkte Genpools. Im primären Genpool befinden sich alle aktuellen Elitezuchtsorten, aber auch alte, nicht mehr dem Sortenschutz unterliegende, Kultursorten und deren Varietäten, sowie alte Landsorten und die Wildform der Kulturgerste (*H. vulgare* ssp. *spontaneum*). Kreuzungen zwischen diesen Unterarten stellen kein Problem dar und ein Gentransfer zwischen diesen ist uneingeschränkt möglich. Im sekundären Genpool befindet sich mit *Hordeum bulbosum* nur eine einzige Art. Kreuzungen mit *H. bulbosum* werfen zahlreiche Probleme auf. In der Vergangenheit wurde *H. bulbosum* hauptsächlich dazu verwendet, um durch Chromosomen – Elimination, Doppelthaploide (DH) – Linien für die Gerstenzüchtung zu erzeugen (Pickering, 1984). Der tertiäre Genpool umfasst alle übrigen Arten der Gattung *Hordeum*. Kreuzungen dieser Arten mit den Arten aus dem primären Genpool gestalten sich äußerst schwierig und somit ist ein Einkreuzen vorteilhafter Allele aus diesen kaum bzw. gar nicht möglich.

1.3 Ursprung und Domestikation der Gerste

Die Wiege der modernen Landwirtschaft (Smith, 1995) liegt in einem partikulären Landschaftsgebiet des östlichen Mittelmeeres, welches auch als „fruchtbarer Halbmond“ (Zohary und Hopf, 1993; Diamond, 1998) bezeichnet wird (Abbildung 1.2). Dieses Areal erstreckt sich von Zentralasien über den Westen Jordaniens, den Libanon, Syrien, den Südosten der Türkei und den Norden des Irakes, bis zum Zagros Gebirge im Südwesten des Irans.

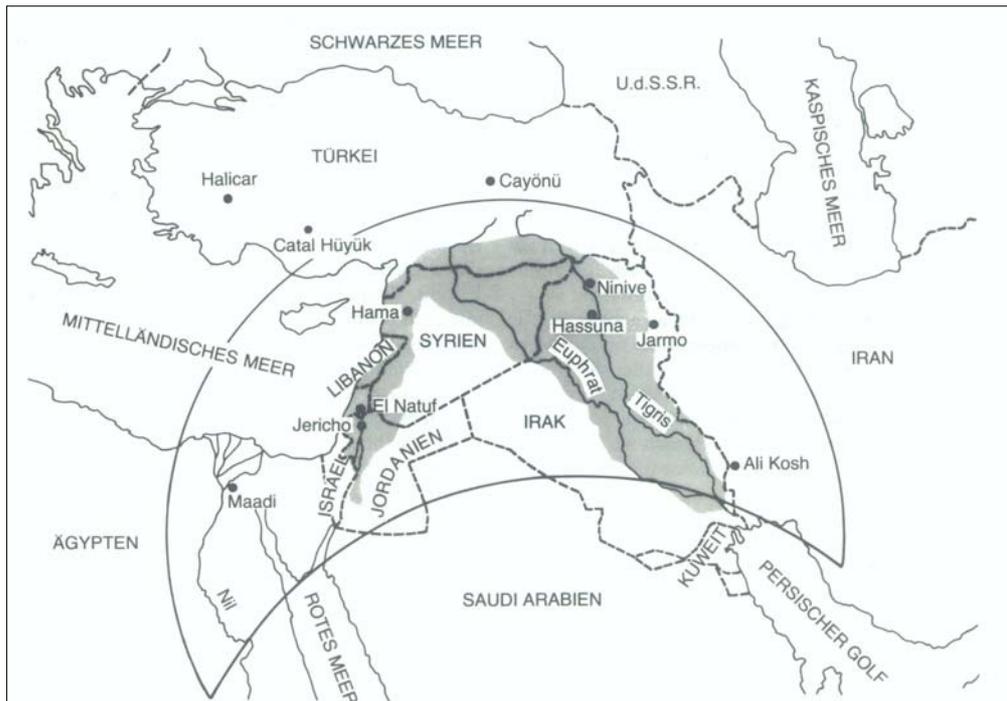


Abbildung 1.2: Der fruchtbare Halbmond und die Verbreitungsgebiete von Gersten - Wildarten im vorderasiatischen Raum. Das Areal des Verbreitungsgebietes ist dunkel hervorgehoben (Geisler, 1980).

Da im Laufe der Zeit die Lebensweise der Menschen vom Jäger und Sammler hin zum landwirtschaftsbetreibenden sesshaften Bauer wechselte, wurde vor 17.000 – 19.000 Jahren verstärkt Wildgerste in der Natur gesammelt und kultiviert (Harlan, 1992; Ladizinsky, 1999). Von da an fand eine schrittweise verlaufende Domestikation der Gerste statt und archäologische Funde zeigen, dass erste kultivierte Formen bereits vor ca. 10.000 Jahren vorlagen (Zohary und Hopf, 1993; Smith, 1995). Ein wichtiger Schritt während des Domestikationsprozesses der Gerste war die Selektion auf „nicht spindelbrüchig“. Diese Eigenschaft ist leicht zu selektieren und war von enormer arbeitstechnischer Bedeutung. Funde um 8.000 v. Chr. zeigen, dass in den damals häufig verwendeten Mischungen schon ein hoher Anteil (10 – 12%) von nicht spindelbrüchiger Gerste vorlag. Im weiteren Verlauf der Domestikation trat nach der zweizeiligen Form, die auch in der

Wildgerste vorherrscht, die sechszeilige Form (vor ca. 9.500 Jahren) und später dann die unbespelzte Form (vor ca. 8.000 Jahren), auch „Nacktgerste“ genannt, auf. Wurde früher angenommen, dass die zweizeilige und die sechszeilige Form der Gerste durch zwei getrennt, distinkte Ereignisse entstanden sind (Åberg, 1940; Bell, 1965), konnte später, nachdem der einfache genetische Hintergrund der Zeiligkeit bekannt war, gezeigt werden, dass eine einzelne Mutation am *vrsI* – Locus zu einer Änderung der Zeiligkeit von zweizeilig zu sechszeilig führen kann (Lundqvist et al., 1996). Hierbei ist zu bemerken, dass die zweizeilige über die sechszeilige Form dominant ist.

1.4 Gerstenzüchtung in Deutschland

Die Domestikation der Gerste war ein entscheidender Faktor für die Entstehung der verschiedenen neolithischen Kulturen in der alten Welt. Heute trägt die moderne Gerstenzüchtung dazu bei, einer wachsenden Weltbevölkerung eine Nahrungsgrundlage zu stellen.

Die heutigen Elitesorten der Gerste sind aus den, gegen Mitte des letzten Jahrhunderts vorherrschenden Landsorten (auch Primitivpopulationen genannt) hervorgegangen. Diese Landsorten bestanden aus einer heterogenen Mischung von mehr oder weniger stark ausgeprägten Inzuchtlinien. Gegen Mitte des letzten Jahrhunderts machten sich zunächst Landwirte daran, die vorhandenen Landsorten gezielt zu verbessern. Dies geschah durch die Selektion gewünschter Pflanzentypen aus den Landsortenpopulationen (Fischbeck, 1992). Als einen der Meilensteine in der modernen Pflanzenzüchtung gilt die Beschreibung der grundlegenden Eigenschaften der Gene durch den Augustinermönch Johann Mendel (er nahm den Namen Gregor erst an, als er Augustinerbruder wurde) im Jahre 1865 in seiner Analyse der Genetik der Gartenerbse. Aus diesen Beobachtungen leiten sich die Grundlagen der Kreuzungsverfahren ab, die auch heute noch in der modernen Pflanzenzüchtung zur Ertragssteigerung bzw. zur Resistenzverbesserung angewendet werden. Die reinerbigen Kultursorten stammen heute aus den erfolgreichen Kreuzungszyklen zwischen ebenfalls homozygoten Linien ab. Durch die „reine Selektion“ günstiger Einzelpflanzen aus Landsortenpopulationen konnte beim Selbstbefruchter Gerste ein schneller Rückgang der genetischen Variabilität beobachtet werden (Fischbeck, 1991). Der weit verbreitete Anbau weniger homogener Zuchtsorten führte zu einer fast vollständigen Verdrängung der heterogeneren Landsortenpopulationen, was nicht nur zu einem Verlust der genetischen Diversität in den Zuchtsorten führte, sondern auch zu einem Verlust an Variation im Anbau allgemein und damit zu einem uniformen Landschaftsbild.

Obwohl der Verlust an genetischer Diversität im Nachhinein nicht mehr genau quantifiziert werden kann, geht man davon aus, dass es durch die frühen Selektionsprozesse, in denen

Genotypen bevorzugt wurden, die an die jeweiligen Zuchtziele am Besten angepasst waren, es zu einer starken Einengung der genetischen Diversität kam.

Dem entgegen wirken sollen die Methoden der modernen Kombinationszüchtung. Die große Potenz der Kombinationszüchtung genetische Diversität zu erzeugen, führte dazu, dass sie auch heute noch als methodische Grundlage zur Erzeugung von genetisch diversem Ausgangsmaterial für Züchtungsprozesse herangezogen wird. Fischbeck (1992) zeigte in einem Übersichtsartikel wichtige Entwicklungen und Stationen europäischer Gerstenzüchtung auf. Von Aufhammer (2000) wurde die Abstammung der Gerstensorten umfassend dargestellt. Diese Darstellung ist auch die Grundlage für Versuche und Erhebungen die im Rahmen der vorliegenden Arbeit durchgeführt wurden. Sie wird an geeigneter Stelle zitiert werden.

1.5 Die Entwicklung der genetischen Diversität in der Kulturgerste

Es wird davon ausgegangen, dass im Genpool der frühen Landsorten eine, in Relation zu den heutigen Kultursorten, hohe genetische Diversität vorgeherrscht hat. Da diese alten Landsorten unwiederbringlich verschwunden sind, lässt sich dies nur noch an relativ geringen Stichproben, eingelagerter Landsorten, überprüfen. Hierbei ist auffällig, dass die Diversitätsindices der beiden Gruppen sich kaum unterscheiden. Sie ist aber, wie bereits erwähnt, nicht sicher interpretierbar, da die durch die Zuchtsorten verdrängten Landsorten nicht systematisch gesammelt wurden. Diese Tatsache trägt dazu bei, dass die Basis für eine Untersuchung fehlt, ob und in welchem Umfang die genetische Diversität beim Übergang zur modernen Pflanzenzüchtung und zum modernen Kulturpflanzenanbau verloren ging. Auffällig ist die große Diskrepanz in den Ergebnissen verschiedener Untersuchung, die je nach Stichprobenumfang und Kultursorte zu sehr unterschiedlichen Ergebnissen gelangen. Russel et al. (2000) untersuchten unter Zuhilfenahme von 28 SSR-Markern die Veränderung in der Anzahl und im Muster der Variabilität in nordeuropäischen Sommergersten über die Zeit von 1884 bis 1990. Hier wurde beobachtet, dass der Grad der Diversität in den modernen Elitesorten geringer (0,484) war, als in den sog. 'foundation genotypes' (0,597).

Andere Arbeiten wurden zur Erhebung und Evaluierung von Genbankmaterial durchgeführt. Bei Akzessionen, die in der Genbank eingelagert werden gehört es zum regelmäßigen Zyklus, dass diese zu Vermehrungszwecken, aber auch zum Erhalt der Keimfähigkeit in sog. Rejuvenation-Cycles (Verjüngungszyklen) angebaut werden (Abbildung 1.3).

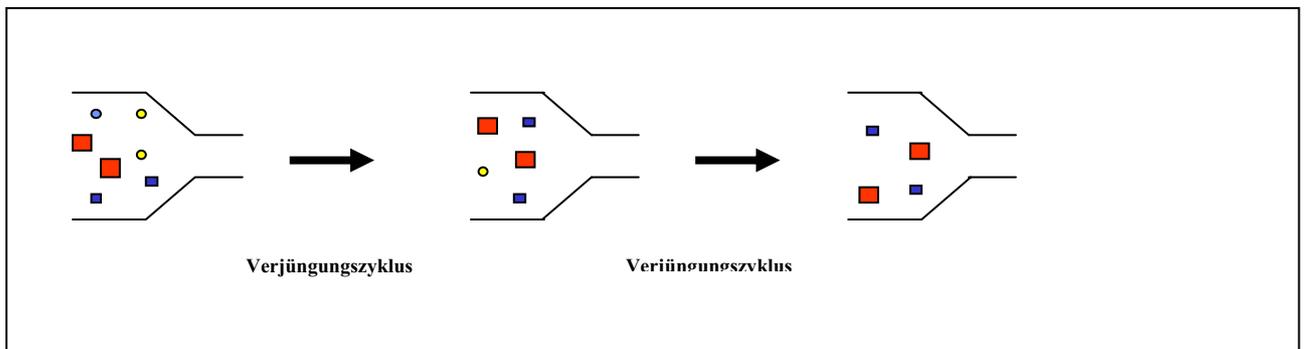


Abbildung 1.3: Genetic „bottleneck“ (Parzies et al., 2000). Genetische Diversität geht bei jedem Verjüngungszyklus verloren. Durch *in situ* Erhaltung kann dieser Verlust auf ein Minimum reduziert werden.

Dies geschieht aus Kosten- und Platzgründen auf relativ kleinen Vermehrungsflächen und auch hierbei kommt es zu einem Verlust an genetischer Diversität. Parzies et al. (2000) zeigten, dass die genetische Diversität bei Landsorten rapide mit jedem „Verjüngungszyklus“ abnehmen kann, wenn die Zahl der, zur Verjüngung der Samen, beitragenden Eltern zu klein ist und somit die effektive Populationsgröße (N_e) der Verjüngungspopulation zu gering ist. Mehr noch, bei einer effektive Populationsgröße (N_e) von weniger als 100 kann es zu einer Akkumulation von schädlichen Mutationen kommen. Dieses Phänomen bezeichnet man auch als „genetic bottleneck“. Es gibt demnach neben der Abnahme der genetischen Diversität im direkten Anbau, die durch die verdrängen der heterogenen Landsortenpopulationen durch die homogenen Elitesorten stattfindet, auch eine mögliche Abnahme der genetischen Diversität (Parzies et al., 2000) im Genbankmaterial durch die ständigen Verjüngungszyklen, die notwendig sind, um das Genbankmaterial keimfähig zu halten.

1.6 Die Erhaltung genetischer Ressourcen als wissenschaftliche Aufgabe

Nach Frankel und Bennet (1970) können genetische Ressourcen in verschiedene Kategorien eingeteilt werden.

Tabelle 1.2: Einteilung genetischer Ressourcen nach Frankel und Bennet (1970, modifiziert)

Genetische Ressource	Formen der Erhaltung
Wildarten und Wildformen von Kulturarten	<i>in situ</i> am natürlichen Standort Botanische Gärten <i>ex situ</i>
Landrassen und primitive Sorten	<i>in situ on farm</i> als Sammlung in Gärten <i>ex situ</i>
alte und neue Sorten	<i>in situ on farm</i> als Sammlung in Gärten Zuchtgärten <i>ex situ</i>
Zuchtstämme	Zuchtgärten <i>ex situ</i>
Genetic stocks	Forschungseinrichtungen <i>ex situ</i>

Genetic stocks sind nur eingeschränkt von Interesse, da es sich um Formen handelt, die sich nicht für eine *in situ* – Erhaltung eignen. Sie spielen jedoch in der züchtungsgenetischen Forschung eine große Rolle. Wildarten und Wildformen können *in situ* am natürlichen Standort erhalten werden, Landrassen und Sorten nur *on farm*. Sämtliche Gruppen sind aber auch *ex situ* zu erhalten.

1.7 Die Gersten Core-Collection

Wie schon ausgeführt zählt die Kulturgerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) zu den bedeutendsten Kulturpflanzen des Menschen. Die intensiven Züchtungsbestrebungen und die damit verbundenen ständige Erweiterung des Sortenspektrums führte dazu, dass die in den Genbanken eingelagerten Akzessionen (Akzessionen: Begriff für die eingelagerten Muster einer Genbank) im Laufe der Zeit eine unüberschaubar große Fülle angenommen haben. Diese große Anzahl an Akzessionen bringt einige Probleme mit sich. Auf der einen Seite sind der Konservierung, der Lagerung und der Vermehrung durch die begrenzten Mittel und dem begrenzten Raum der Genbanken eine Grenze gesetzt, zu anderen ist es nur eingeschränkt möglich, alle eingelagerten Sorten hinreichend zu beschreiben. Dies führt dazu, dass die, als genetische Ressourcen eingelagerten Akzessionen, in der Genbank zwar für zukünftige Züchtungsprozesse vorrätig sind, diese aber nicht genutzt werden können, da sie nur unzulänglich beschrieben sind und somit für den Wissenschaftler, aber auch den Züchter nicht zum Nutzen gereichen können. Um diese

Schwierigkeiten zu beseitigen bzw. zu verringern, wurde das Prinzip der Core-Collection entwickelt. Eine **Core-Collection** ist definiert, als eine Unter- bzw. Teilmenge einer bestehenden Sammlung an Akzessionen, die mit einem **Minimum an Umfang** (Anzahl der ausgewählten Sorten), **die genetische Diversität der Ausgangssammlung möglichst umfassend darstellt**. Dabei sollte die Größe der resultierenden Core-Collection bei 5-15% der Ausgangssammlung liegen.

Verschiedene Durchmusterungs-Strategien des Konzeptes zur Erstellung einer Core-Collection wurden vorgeschlagen, seitdem Frankel (Brown, 1989a) das Konzept der Core-Collection zu Evaluierung von Genbanksammlungen erstmalig vorschlug. Brown (Brown, 1989b) stellte daraufhin folgende Hypothese zur Diskussion: „70% der Allele, die in der gesamten Sammlung präsent sind, können in 10% der gesamten Sammlungsgröße, basierend auf der Theorie der „selektionsneutralen Allele“ dargestellt werden. Basierend auf dieser Annahme wurden in den darauf folgenden Jahren für verschiedene Pflanzenarten Core-Collections erstellt und bezüglich ihrer Effektivität und ihrem Beitrag zur Erhaltung der genetischen Diversität der Ausgangssammlung verglichen (Spagnoletti-Zeuli und Qualset, 1993; Bataillon, 1994; Cordeiro et al., 1995; Diwan et al., 1995; Galwey, 1995; van Hintum et al., 1995; Iguarta, 1998).

Die zur Zeit, in der Genbank IPK Gatersleben eingelagerten Gersten-Akzessionen belaufen sich auf mehr als 90.000 Akzessionen. Die weltweit in Genbanken eingelagerte Anzahl an Akzessionen beläuft sich auf 320.000 (FAO, 1993) und nimmt stets zu.

1.8 Die Core-Collection Nordrhein-Westfalen (CC-NRW)

Das Bundesland Nordrhein-Westfalen (NRW) ist bemüht, im Rahmen der Verordnung (EG) Nr. 1257/1999 des Rates vom 17. Mai 1999, über die Förderung der Entwicklung des ländlichen Raums durch den Europäischen Ausrichtungs- und Garantiefonds für die Landwirtschaft (EAGFL) die genetische Diversität der Kulturart Gerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) im Anbau zu erhöhen und dadurch zu einer Belebung und Bereicherung des Landschaftsbildes beizutragen.

Des Weiteren, sollen die, im Rahmen dieses Projektes evaluierten Gerstenmuster und die dazugehörigen „Passport-Daten“ Züchtern zur Verfügung gestellt werden, damit diese dann Sorten „aus der Region, für die Region“ züchten können. D.h. Sorten, die extrem gut an die regionalen Bedingungen des Bundeslandes NRW angepasst sind. Bei den „Passport-Daten“ handelt es sich um Datenblätter, die ein Muster (ehemalige Sorte) eindeutig beschreiben können und somit neben der eindeutigen Beschreibung sogar eine direkte Identifizierung der Sorte mittels phänotypischer Daten vor Ort erfolgen kann. Des Weiteren können diese Muster mittels DNA-Fingerprint durch einen ausgewählten Satz an SSR-Markern (Mikrosatelliten) im Labor identifiziert werden.

Neben dem Erhalt der Vielfalt pflanzengenetischer Ressourcen im Anbau steht des Weiteren die verstärkte Nutzbarmachung der pflanzengenetischen Ressourcen im Vordergrund. D.h. hier soll das Potenzial der „alten Sorten“ evaluiert werden, um eventuelle Ertragsparameter, aber auch mögliche Resistenzen gegen Schaderreger vermehrt nutzbar zu machen. Es soll auch untersucht werden, ob von diesen Sorten ein möglicher wirtschaftlicher Nutzen hervorgeht, der nachhaltig ausgeschöpft werden kann.

Letztendlich soll dieses Projekt auch dazu beitragen, dass verloren gegangene landwirtschaftlich geprägte Ökosysteme wiederhergestellt werden können und noch erhaltene Ökosysteme besser geschützt werden können.

Zum Erreichen dieser Ziele soll stellvertretend für die agro-biologischen Bereich eine „regionale“ Gersten Core-Collection für das Bundesland NRW erstellt werden. Die, in diese Core-Collection eingehenden Muster würden neben dem Erhalt der genetischen Diversität, auch durch ihre phänotypische Diversität zu einer Bereicherung des Landschaftsbildes deutlich beitragen können.

1.9 Markersysteme zur Evaluierung der genetischen Diversität in Kulturpflanzen

DNA-Polymorphismen können durch verschiedenste Methoden detektiert werden (Rafalski et al. 1997; Russel et al. 1997a), wobei in jüngster Zeit eine deutliche Verschiebung von den hybridisationsbasierten Methoden, wie den RFLPs (**r**estriction**f**ragment **l**ength **p**olymorphism), hin zu PCR gestützten Methoden und hier besonders zu den Mikrosatelliten (SSR-Markern, **s**ingle – **s**equence – **r**epeats), zu erkennen ist. Die Vorteile der SSR-Marker liegen in ihrer multiallelischen Natur, der codominanten Vererbung, ihrer hohen Verfügbarkeit, gefördert durch intensive Forschungsbemühungen, und in dem geringen Bedarf an template DNA für die PCR-Reaktion (Powell 1996). Während sich frühe Arbeiten (Fischbeck, 1992; Graner et al., 1994; Melchinger et al., 1994) größtenteils auf die Analyse durch RFLP-Marker gestützt haben, kamen in jüngerer Zeit anonyme Markersysteme, wie RAMPs (**r**andom **a**mplified **m**icrosatellite **p**olymorphic DNA) und AFLPs (**a**mplified **l**ength **p**olymorphism) bei Untersuchungen in der Gerste zum Einsatz (Ellis et al., 1997; Schut et al., 1997; Davila et al., 1998). Im Rahmen dieser Studien konnten die Vorteile der Analyse mittels markergestützten Systemen deutlich gemacht werden. Ein Nachteil dieser Systeme besteht darin, dass der Grad ihrer Auflösung sehr begrenzt ist und so setzte sich in neuerer Zeit die Anwendung von SSR-Markern durch, die eine wesentlich bessere Auflösung ermöglichen. Der hohe Informationsgehalt der SSR-Marker wurde in mehreren Studien nachgewiesen und zeigt zudem einen deutlichen Weg in eine effiziente und schnelle Unterscheidungsmöglichkeit zwischen den verschiedenen Kultursorten (Saghai-Marouf et al., 1994; Becker and Heun, 1995; Russel et

al.1997b; Struss and Plieske 1998). Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurden bereits kartierte SSR-Gersten-Marker (Liu et al., 1996; Waugh et al., 1997; Pillen et al., 2000; Ramsey et al., 2000) verwendet, um eine, auf SSR-Markerdaten basierende, Abstammungsanalyse der Gerstenmuster der Core-Collection durchführen zu können.

1.10 Ziel der Arbeit

Im Rahmen des vorliegenden Projektes sollen morphologisch-agronomische Merkmale, Abstammungsdaten (Kreuzungseltern der Sorten) und DNA-Markerdaten in einem Sortiment aus 305 Winter- und Sommergerstenmustern, die in NRW eine Anbaubedeutung hatten bzw. immer noch haben, untersucht werden. Ziel ist es, eine repräsentative Gersten Core-Collection für NRW, die ca. 30 Gerstenmuster umfassen soll, aus der Ausgangssammlung zusammenzustellen. Diese Core-Collection soll dazu dienen, dass die genetische Diversität der Gerste unter vertretbarem Aufwand erhalten bzw. erhöht werden kann, indem eine Konzentration auf wenige Muster erfolgt, die aber die gesamte genetische Diversität repräsentieren. Die, aus diesem Projekt hervorgehenden Muster der Core-Collection, werden im Rahmen eines Programms zur Flächenförderung von „Pflanzengenetischen Ressourcen“ des Landes NRW, interessierten Landwirten zur Verfügung gestellt werden, die an der Erhaltung der genetischen Ressourcen bei der bedeutenden Kulturart Gerste partizipieren wollen.

Für die Erstellung der Core-Collection sollen verschiedenen Methoden verglichen werden, um so für künftige Projekte als Referenz dienen zu können.

2. Material und Methoden

Im Folgenden werden die verschiedenen Methoden vorgestellt, die im Rahmen der vorliegenden Arbeit angewendet wurden. Eine vollständige Sortenliste ist im Anhang (9.1, Seite 64) angefügt.

2.1 Phänotypische Merkmalerhebung

Die phänotypische Merkmalerhebung umfasst all die Arbeiten, die entweder direkt auf dem Feld, oder später bei der Aufarbeitung des Erntematerials durchgeführt wurden. In diesen Bereich entfiel ein Großteil der zu tätigenen Arbeiten und somit bildet dieser Teil neben den molekularbiologischen Analysen einen Hauptteil der vorliegenden Arbeit.

2.1.1 Pflanzenmaterial

Im Rahmen des vorliegenden Forschungsberichtes wurden die morphologische und genetische Diversität mit den daraus resultierenden Verwandtschaftsbeziehungen zur Erstellung einer Gersten (*Hordeum vulgare* L.) Core-Collection untersucht. Zu diesem Zweck wurden sowohl aus der „beschreibenden Bundessortenliste“ des Bundessortenamtes Hannover, als auch aus Akzessionslisten der Genbanken Gatersleben und Braunschweig insgesamt 152 Sommergersten und 153 Wintergerstenmuster (9.1, Seite 64) zusammengetragen. Im weiteren Verlauf dieser Arbeit wird die Bezeichnung „Muster“ anstatt der Bezeichnung „Sorte“ verwendet werden, da es sich bei dem Großteil der evaluierten Akzessionen um ehemalige Sorten handelt, die heute nicht mehr dem Sortenschutz unterliegen. Die Muster wurden beim Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben, ein Leibniz Institut, und bei der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ), Braunschweig, bezogen.

2.1.2 Strategien zur Auswahl der zu evaluierenden Gersten-Muster

Zunächst wurde die Identifikation der Gersten-Muster für eine Core-Collection anhand der „Beschreibenden Bundessortenliste“ des Bundessortenamtes (BSA, Hannover) durchgeführt. Für die Evaluierung der Gersten-Muster lagen die Sortenlisten von den Jahren 1972 – 2001 vor. In diesen sind die „Saatgutvermehrungsflächen im Bundesgebiet“ (Abbildung 2.1) dargestellt. Neben der Auflistung der „zur Feldbesichtigung gemeldeten“ Fläche (in Hektar) sind dort auch die einzelnen Bundesländer aufgeführt, in denen diese

Flächen angemeldet waren. Hieraus wurde dann für die jeweilige Nennung des Landes NRW eine Anbaubedeutung gefolgert und die aufgeführte Sorte wurde in die Liste der zu evaluierenden Muster aufgenommen. Parallel dazu wurde das, ebenfalls vom Bundessortenamt herausgegebene „Blatt für Sortenwesen“ herangezogen. In ihm werden, ähnlich wie in der „beschreibenden Bundessortenliste“, seit 1953 (dem Gründungszeitpunkt des Bundessortenamtes), welche Vermehrungsflächen die in Deutschland zugelassenen Sorten im jeweiligen Jahr hatten.

Sorten- bezeichnung	Mit Erfolg feldbesichtigt (ha)					Verteilung im Bundesgebiet 1988
	1984	1985	1986	1987	1988	
Zweizeilige *****						
Alexis	-	2	567	3.582	4.668	NS, BY, BW, RP, HE, NW, SH, SA
Amazona	-	2	33	50	10	BY
Apex	250	1.618	2.127	1.529	1.858	NS, SH, NW, RP
Aphrodite	-	-	4	13	258	BW, BY, NS, RP
Aramir	662	329	133	43	30	NS
Arena	297	1.300	2.124	1.186	1.282	NS, BY, RP, NW, BW, HE, SA
Aura	3.492	3.568	2.105	1.124	1.231	BY, HE, RP, BW, NW
Ballerina	-	-	12	148	315	BY, RP, BW, NS, HE
Baroness	-	-	-	-	5	SH
Beate	40	49	128	241	275	BY
Berolina	63	76	45	16	22	BW, NS
Camelot	16	174	153	35	13	HE
Carina	885	779	430	152	172	BY, BW

Abbildung 2.1: Ausschnitt aus der „Saatgutvermehrungsflächen im Bundesgebiet“ aus der „beschreibenden Bundessortenliste“ des Bundessortenamtes Hannover aus dem Jahr 1989 (Seite 143).

Neben den Sorten, die aus der Recherche in den „beschreibenden Bundessortenlisten“ und den „Blättern für Sortenwesen“ gefunden wurden, wurden gleichzeitig die im Bundesgebiet ansässigen Züchterhäuser nach Sorten befragt, die im Laufe der Jahre in Nordrhein-Westfalen eine Anbaubedeutung hatten bzw. immer noch haben.

Ein weiterer Ansatz der Identifikation von Sorten mit Bezug zu NRW bestand darin, Sortenlisten der Genbanken aus dem IPK Gatersleben und dem BAZ Braunschweig zu studieren. Diese Listen wurden so ausgewählt, dass in ihnen alle Sorten aufgeführt sind, die in

Deutschland eine Sortenzulassung hatten und somit auch in Deutschland angebaut werden durften. Die genaue Methode lag nun darin, die Sorten zu finden, die aufgrund des Sortennamens einen eindeutigen Bezug zu Regionen und Städten in NRW aufweisen.

2.1.3 Standort

Die zu evaluierenden Sommer- und Wintergerstenmuster wurden in den Jahren 2001 – 2003 auf der, in der Nähe von Köln-Wesseling gelegenen Lehr- und Versuchsstation „Dikopshof“ angebaut. Diese Lehr- und Versuchsanstalt ist dem Institut für Pflanzenbau der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn angegliedert. Es liegt auf den Niederterrassen des Rheines, die durch jüngere Flussablagerungen aus Sand und Kies entstanden sind. Bei dem Bodentyp handelt es sich um eine Parabraunerde, die Bodenart entspricht einem feinsandigen Lehmboden. Die Ackerzahl liegt bei 70 – 80 Bodenpunkten. Die Jahresniederschlagsmenge und die mittleren Jahrestemperaturen für die Jahre 2001 – 2003 können der Tabelle 2.1 entnommen werden.

Tabelle 2.1: Jahresniederschlagsmengen und mittlere Jahrestemperaturen für das Versuchsgut Dikopshof in den Jahren 2001 – 2003.

Jahr	Durchschnittstemperatur [°C]	Niederschlag [mm]
2001	10,6	708,8
2002	11,1	706,4
2003	11,0	551,4

2.1.4 Versuchsanlage und Aussaat

Als Versuchsanlage diente in den Versuchsjahren 2001 – 2003 eine mit Hilfe der Software Alpha+ von Williams und Talbot (1993) randomisierte Blockanlage.

Im Rahmen der Versuche kamen zwei verschiedene Saatechniken zum Einsatz. Aufgrund der geringen Menge des, von den Genbanken erhaltenen Saatgutes, war es notwendig in den jeweils ersten Feldversuchsjahren (siehe Tabelle 2.2) die Versuche in Reihensaat auszubringen. Diese Versuchsjahre dienten neben der Probenentnahme für eine spätere DNA-Extraktion und als eine erste Merkmalerhebung, auch der Vermehrung des Genbank-Saatgutes auf Kleinstparzellenniveau. In diesen Jahren wurden die Sommer- bzw. Wintergerstenmuster mit einer Einzelkornsämaschine (Firma: Hege, Fabrikat Hege 95 B) ausgesät. Der Abstand zwischen den Reihen betrug 21 cm und der Abstand in der Reihe ca.

2,0 cm. Die Saatstärke betrug 300 kK/m². Insgesamt wurden sechs Reihen parallel gesät. Die inneren beiden Saatreihen wurden dabei mit Prüfsaatgut bestückt, während die jeweils äußeren beiden, ungeprüften Reihen, zur Minderung der Randeffekte mit der Kultursorte Scarlett (2001)/Barke (2002 und 2003) (bei der Sommergerste) bzw. Karola (bei der Wintergerste) bestückt wurden. Die randomisierte Blockanlage wurde in drei Wiederholungen angebaut, wobei darauf geachtet wurde, dass auch zwischen den einzelnen Wiederholungen eine Randomisierung erfolgte.

In den jeweils folgenden Versuchsjahren wurden die Versuche dann in größeren Parzellen und in derselben Anzahl von Wiederholungen ausgebracht. Hier betrug der Abstand zwischen den Reihen 10,4 cm und der Abstand in der Reihe 2 cm. Genauere Angaben über die verschiedenen Saatechniken sowie der Parzellengröße und der Saatstärke können der Tabelle 2.2 entnommen werden.

Tabelle 2.2: Saatechniken der Versuchsjahre 2001 – 2003

Kulturart	Jahr	Methode	Parzellengröße	Saatstärke
Sommergerste	2001	Einzelkornsaat Hege 95B	1 m ²	300kK/m ²
Sommergerste	2002	Drillsaat Hege 80	3,75 m ²	330kK/m ²
Sommergerste	2003	Drillsaat Hege 80	3,75 m ²	330kK/m ²
Wintergerste	2001/02	Einzelkornsaat Hege 95B	1 m ²	300kK/m ²
Wintergerste	2002/03	Drillsaat Hege 80	3,75 m ²	330kK/m ²

Um die, im Boden auftretenden Unterschiede besser abschätzen zu können, wurden in jedem Block 10 zufällig ausgewählte Parzellen mit der Kultursorte (für Sommergerste) Scarlett (Versuchsjahr 2001)/Barke (Versuchsjahre 2002 und 2003) bzw. der Kultursorte (für Wintergerste) Karola angelegt.

2.1.5 Pflanzenschutz und Düngung

Die N_{min.}-Werte, die Grunddüngung und die Düngung während des Versuchs variierten über die Versuchsjahre je nach Schlag und sind in Tabelle 2.3 zusammengefasst.

Tabelle 2.3: Düngemaßnahmen der Versuche

Fruchtart	Jahr	Vorfrucht	Schlag	N _{min.} [kg/ha]	Grunddüngung	N-Düngung
Sommergerste	2001	Körnermais	Ie	52,1		
Sommergerste	2002	Winterweizen	II d/e	53,1		
Sommergerste	2003	Winterweizen	IV d/e	51,5		
Wintergerste	2001/02	Winterweizen	II c	19,6		
Wintergerste	2002/03	Winterweizen	VI h	41,6		

Die angewandten Pflanzenschutzmaßnahmen (Herbizide, Fungizide und Insektizide) beschränkten sich auf die ersten beiden Blöcke, um in diesen eine Konkurrenz durch nicht erwünschte Pflanzen, Krankheits- und Schadinsektenbefall zu reduzieren bzw. ganz zu unterbinden. Die applizierten Substanzen und deren Menge sind in Tabelle 2.4 dargestellt. In dem dritten Block wurde auf jeglichen Pflanzenschutz verzichtet, um dort die Auswirkung der Resistenzeigenschaften der einzelnen Muster auf die Ausprägung der bonitierten Merkmale abschätzen zu können. Des Weiteren wurde in allen Versuchsjahren auf Halmverkürzer verzichtet, um eine Verzerrung der Bonituren auf die Pflanzenhöhe ausschließen zu können.

Tabelle 2.4: Art und Menge der angewandten Pflanzenschutzmittel in den Wiederholungen 1 und 2.

Frucht	Jahr	Fungizid(e)	Herbizid(e)	Insektizid(e)
Sommergerste	2001	Amistar [®] 0,6 l/ha in EC 39-49	Azur [®] 2,5 l/ha in EC 25	Gladio [®] 0,8 l/ha in EC 25 und 0,6 l/ha in EC 39-49 Karate [®] WG 0,15 kg/ha in EC 69
Sommergerste	2002	Stratego [®] 0,8 l/ha Zenith M [®] 0,5 l/ha beide in EC 25-30	Azur [®] 2,5 l/ha in EC 25	Gladio [®] 0,8 l/ha; Karate [®] 0,075 l/ha beide in EC 29-37
Sommergerste	2003	Acanto [®] 0,5 l/ha in EC 30-32	Azur [®] 2,5 l/ha in EC 23; MCPA [®] 1,5 l/ha in EC 31-33	Agent [®] 0,5 l/ha in EC 30-32 Gladio [®] 0,8 l/ha in EC 31-33 Karate [®] 0,075 l/ha in EC 51-69
Wintergerste	2001/2002	Harvesan [®] 0,6 l/ha Amistar [®] 0,6 l/ha beide in EC 29-31 Opus Top [®] 1,5 l/ha in EC 39-55	Fenikan [®] 2,0 l/ha IPU [®] 1,0 l/ha beide in EC 11	-
Wintergerste	2002/2003	Harvesan [®] 0,6 l/ha Acanto [®] 0,6 l/ha beide in EC 30 Acanto [®] 0,6 l/ha in EC 32	Fenikan [®] 2,5 l/ha IPU [®] 1,0 l/ha beide in EC 13 Opera [®] 1,2 l/ha in EC 49-69	Karate [®] 0,075 l/ha in EC 13 Agent [®] 0,6 l/ha in EC 32 Karate [®] 0,075 l/ha in EC 49-69

2.1.6 Bonitur und Ernte

Die Beprobung während der Versuchsjahre und die Ernte zwischen den einzelnen Versuchsjahren waren, ähnlich wie der Versuchsaufbau, von der Menge des Saatgutes bestimmt. Während der jeweils ersten Versuchsjahre (SG: 2001; WG 2001/02) erfolgte die

Beerntung der Parzellen ausschließlich per Hand. Diese wurde in zwei Schritten durchgeführt. Zum einen wurden für die spätere Bestimmung agronomischer Merkmale je 5 Einzelpflanzen zur Vollreife (EC 92) aus der Mitte der Parzelle entnommen und noch auf dem Feld in den Stroh- und den Ährenanteil fraktioniert. Zum anderen wurden bei den übrigen Pflanzen ausschließlich die Ähren zur späteren Saatgutgewinnung geerntet. In den Folgejahren wurde, neben den 5 Einzelpflanzen (EC 92), die Parzelle zur Vollreife (EC 92) mit dem Parzellenmähdrescher (Firma: Wintersteiger; Fabrikat: Nurserymaster Expert) beerntet. Die genauen Aussaat- und Erntetermine der verschiedenen Versuchsjahre sind in Tabelle 2.5 zusammengefasst.

Tabelle 2.5 Sä- und Erntetermine.

Frucht	Sätermin	Erntetermin
Sommergerste (2001)	05.04.01	30.07.01
Sommergerste (2002)	13.03.02	20.07.02 (3.Wdh.) 23.07.02 (1.+2. Wdh)
Sommergerste (2003)	20.03.03	18.08.03
Wintergerste (2001/02)	25.09.01	08.07.02
Wintergerste (2002/03)	30.09.02	27.07.03

Die Bonitur der Wuchshöhe (EC 83 – 87) wurde in den Versuchspartellen an drei verschiedenen Messpunkten durchgeführt. Dabei wurde die Länge der Pflanzen vom Boden bis zur Grannenspitze an drei verschiedenen Messpunkten in der Parzelle ermittelt.

Für die β -Glukananalyse und C/N-Analyse wurden während der Aufarbeitung der Handerte jeweils 20 - 25 Karyopsen als Probenumfang für die spätere Weiterverarbeitung zurückgestellt. Hierbei wurden sowohl Karyopsen aus der ersten und der letzten Wiederholung verwendet, um dort eventuell auftretende Unterschiede genauer evaluieren zu können.

Die während der Versuche erhobenen Merkmale sind in Tabelle 2.6 aufgelistet.

Tabelle 2.6: Evaluierte Merkmale, mit Abkürzungen und Maßeinheit.

Merkmal	Abkürzung	Maßeinheit
Wuchshöhe	WH	Zentimeter [cm]
Zeitpunkt Ährenschieben	ZAE	Datum
Ährenlänge	AEL	Zentimeter [cm]
Verhältnis Ährelänge/Pflanzenlänge	VAP	Prozent [%]
Verhältnis Ährelänge/Grannlänge	VAG	Prozent [%]
Körner/Ähre	KPA	Anzahl [Stck.]

Ähren/Pflanze	APP	Anzahl [Stck.]
Tausendkaryopsenmasse (Handernte)	TKMh	Gramm [g]
Tausendkaryopsenmasse (Parzellenernte)	TKMp	Gramm [g]
Kornertrag/Pflanze	KP	Gramm [g]
Biomasse/Pflanze	BP	Gramm [g]
Lager	L	1 (kein Lager) – 9 (ganze Parzelle Lager)
Harvestindex	HI	HI
Flächenertrag	FE	dt/ha
Proteingehalt	PG	Prozent [%]
β-Glukangehalt	GLU	Prozent [%]
Karyopsenfärbung	KF	Farbe
Jahr der Zulassung	JZ	Jahreszahl
Züchterkennung	ZK	Zahl
Parzellenertrag	PE	kg
Trockensubstanz	TS	Prozent [%]
Anthocyanfärbung	AF	visuell

2.2 Biochemische Merkmalerhebung

Im folgenden Abschnitt werden die Methoden vorgestellt, die angewandt wurden, um die verschiedenen Muster auf biochemische Art zu charakterisieren. Hier wurde zum Einen auf die, am Institut für Pflanzenbau, etablierte Methode der β-Glukananalyse (Binder, 2002), zum anderen auf die C/N-Analyse nach der Carlo-Erba-Methode zurückgegriffen.

2.2.1 β-Glukananalyse

Die Bestimmung des β-Glukangehaltes der ausgewählten Winter- und Sommergersten erfolgte durch die Durchfluss-Injektions-Methode (FIA). Diese Methode beruht auf dem Prinzip, dass Glukosepolymere, die durch eine (1-3)- oder (1-4)-β-glukosidische Verbindung miteinander verknüpft sind, mit Calcoflour Abbildung 2.2 komplexieren.

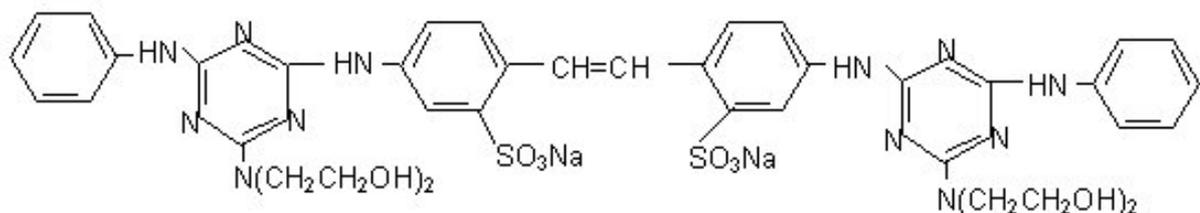


Abbildung 2.2: Chemische Struktur von Calcoflour (Wood und Fulcher, 1978)

Dieser fluoreszierende Farbkomplex kann anschließend über eine gewisse Zeitspanne photometrisch gemessen werden (Wood und Fulcher, 1978; Wood, 1980; Jorgensen et al., 1985; Bendeck et al., 1987). Im Gegensatz zu anderen Farbkomplexbildnern (z.B. Congo Red) kommt es bei Calcofluor nicht zu einer Interaktion mit Stärkemolekülen (Madacski et al., 1983; Wood, 1983).

Die Aufarbeitung der Proben erfolgte nach dem Protokoll des Herstellers (Firma: Tecator, Schweden). Zunächst wurden von jeder Probe 20 - 25 Körner für 3 min. bei einer Amplitude von 90 (Herstellerangabe) in einer Schwingbechermühle (Firma: Retsch, Fabrikat: MM2000) gemahlen. Von dem Mehl wurden für die Doppelbestimmung jeweils 2x 50,0 mg – 51,0 mg auf einer Feinwaage (Firma: Mettler, Fabrikat: AE240) eingewogen. Nach Zugabe von 9,9ml sterilem H₂O_(demin) und 0,1 ml Teramyl α -Amylase und anschließendem vortexen, wurde die Probe für 1h bei 100°C inkubiert. Nach Abkühlung auf Zimmertemperatur wurde 10 ml 75 mM Schwefelsäure hinzugefügt und wiederum gevortext. Die Probe wurde dann erneut bei 100°C für 16 min. inkubiert und danach direkt wieder auf 4°C heruntergekühlt. Abschließend erfolgt eine Zentrifugation (Firma: Heraeus; Fabrikat: Variofuge 3.0 R) bei 4°C für 15 min. mit 3000 U/min.. Der Überstand wird in vorbereitete Reagenzgläser überführt und ist bei 4°C im Kühlschrank für ca. 3-4 Wochen lagerbar.

Um von der Intensität der Fluoreszenz auf den tatsächlichen Glukangehalt der Proben (% der Trockenmasse) schließen zu können, muss die Messung nach der FIA-Methode zunächst mit einem β -Glukanstandard geeicht werden. Bei dieser Messung werden, wie bereits erwähnt, nur gelöste Glukane erfasst, deren Molekulargewicht zwischen 1×10^4 – 5×10^4 Da liegen (Foldager und Jorgensen, 1984; Jorgensen, 1988).

Bei der FIA-Methode dient der Phosphatpuffer in Kombination mit dem Calcofluor als Eluent. Durch die Pumpe wird ein konstanter Flüssigkeitsstrom von 2 ml/min. eingestellt. Kurz vor der eigentlichen Messung werden je 10 μ l der Probe über ein Schleifendosierventil in den Kreislauf eingebracht und nach Durchlaufen einer kurzen Mischstrecke kann die Erhöhung der Fluoreszenz im Detektor erfasst werden.

Die Abbildung 2.3 zeigt den schematischen Aufbau der Glukan-Messung. Der Analyser (Tecator β -Glukan 5700) besteht aus einem Multirack, in dem die Proben angeordnet sind, der Walzpumpe, einem Bereich für die Bevorratung der Reagenzien, dem Schleifendosierventil und dem Fluoreszenz-Detektor.

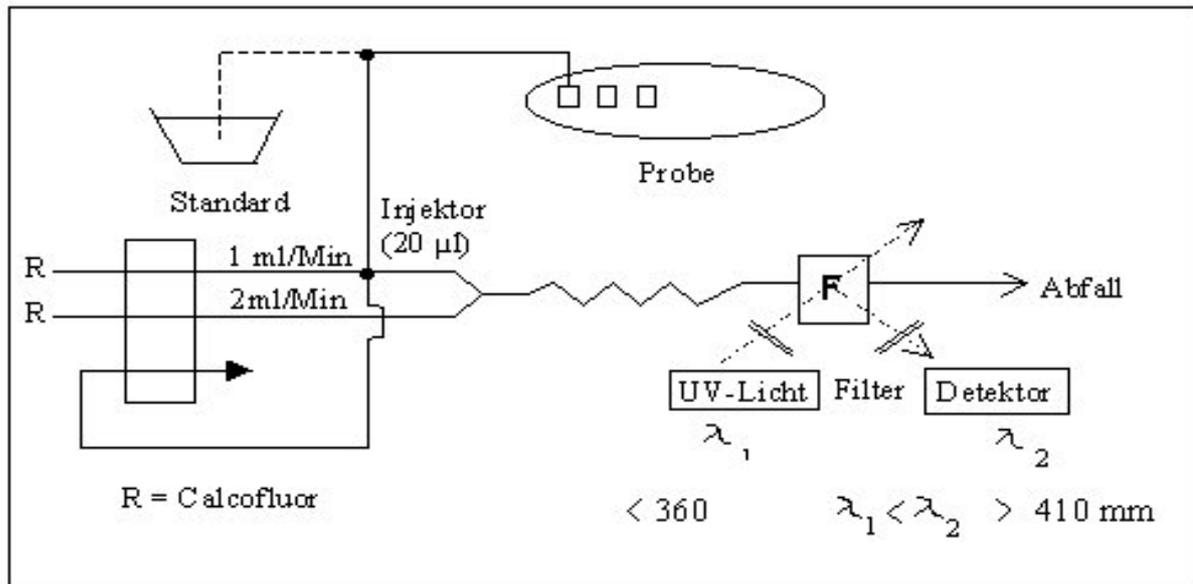


Abbildung 2.3: Schematische Darstellung des Tecator β-Glukan 5700 Analyser.

2.2.2 Gesamtstickstoff/-kohlenstoffanalyse (C/N-Analyse)

Für die C/N-Analyse wurden jeweils 20 – 25 Karyopsen aus den Proben der Handernete entnommen. Hierbei wurden Proben aus dem ersten und dem dritten Block verwendet, um eventuelle Unterschiede zwischen den beiden Behandlungsstufen aufzeigen zu können. Zunächst wurden die Proben für 48 Std. bei 60°C getrocknet und anschließend in einer Schwingbechermühle (Firma: Retsch, Fabrikat: MM 2000) für drei Minuten bei einer Amplitude von 90 (Herstellerangabe) vermahlen. Von dem Mehl wurden jeweils 13 – 14 mg in Zinncups (5 x 12 mm) eingewogen und für die spätere Analyse im Gesamtstickstoff/-kohlenstoff Analyser (Firma: Carlo Erba, Fabrikat: NA 1500-Analyser) verwendet. Als Standard dienten jeweils 5 mg Acetanilid, das ebenfalls in Zinncups eingewogen wurde. Der Ablauf der C/N-Analyse ist in Abbildung 2.4 schematisch dargestellt.

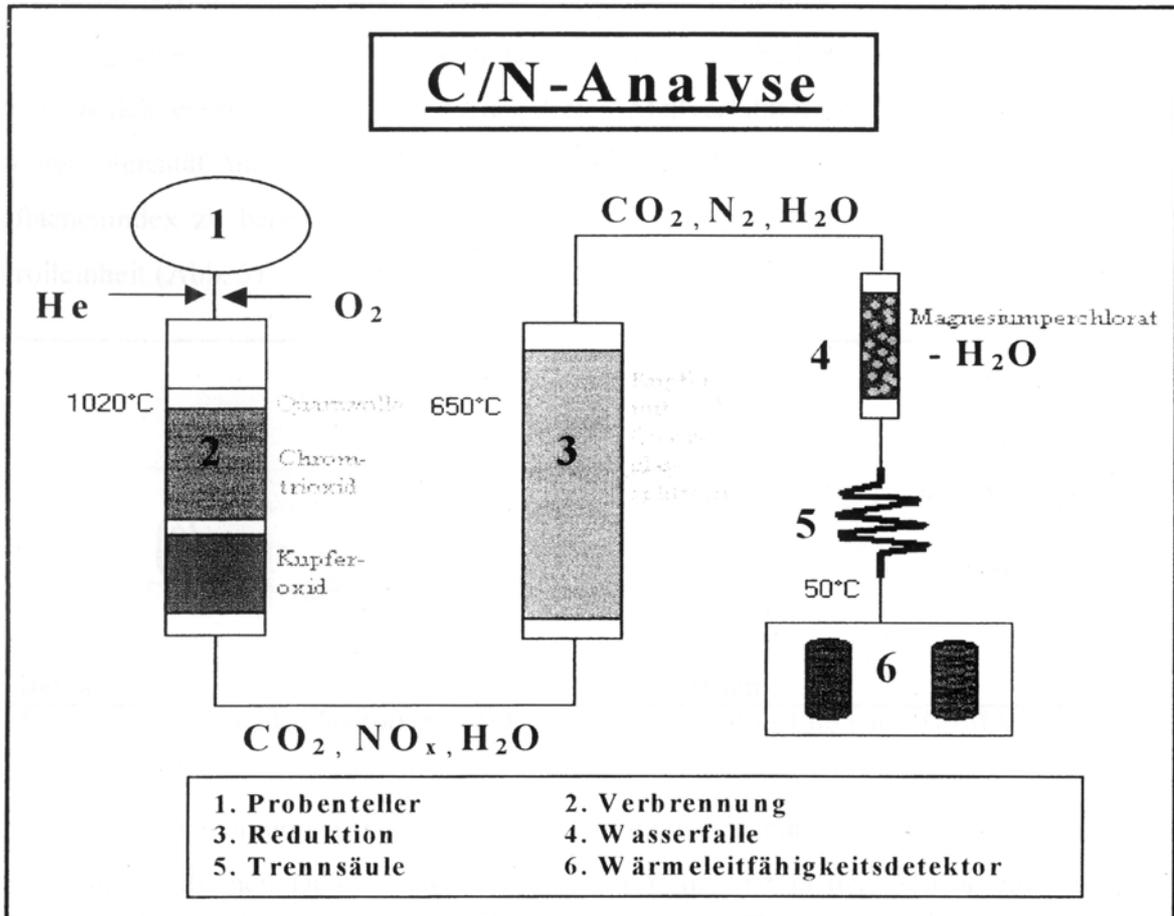


Abbildung 2.4: Schematischer Aufbau des Gesamtstickstoff/-kohlenstoff-Analyser der Firma Carlo Erba

Im Verbrennungsrohr (2), wird die Probe unter Zugabe von O_2 bei $1020^\circ C$ vollständig oxidiert und in die Verbrennungsprodukte CO_2 , N_2 und NO_x aufgespalten. Im anschließenden Reduktionsrohr (3) wird NO_x bei $650^\circ C$ zu elementarem Stickstoff (N_2) reduziert. Um die Verbrennungsprodukte CO_2 und N_2 frei von Wasser zu bekommen, wird in der Wasserfalle (4) der Probe durch das stark hygroskopische $Mg(ClO_4)_2$ das Wasser vollständig entzogen. Anschließend wird die Probe durch eine, mit Chromatosorp gefüllte, gaschromatographische Säule (5) geleitet. Aufgrund der unterschiedlichen Fließgeschwindigkeiten von CO_2 und N_2 kommt es hier zu einer zeitlichen Aufspaltung der beiden Fraktionen. Zuerst verlässt der Stickstoff die Säule und zeitlich versetzt das Kohlendioxid. Im anschließenden Wärmeleitfähigkeitsdetektor (6) findet dann die eigentliche Messung statt. In Abhängigkeit der Wärmeleitfähigkeit und des Molekulargewichtes der, bei der Verbrennung entstandenen Gase, verändert sich der Widerstand und somit die Spannung im Detektor

(Edelmetallhitzdraht). Aus dieser Spannungsveränderung kann man direkt Rückschlüsse auf die einzelnen Konzentrationen in der Ausgangsprobe ziehen.

2.3 Molekularbiologische Merkmalerhebung

Neben der phänotypischen Merkmalerhebung bildet die molekularbiologische Merkmalerhebung den zentralen Punkt für die Erstellung der Gersten Core-Collection. Mit Hilfe der Mikrosatelliten (SSR-Marker)-Analyse ist es möglich die Muster auf DNA-Ebene zu analysieren. Diese Ebene ist, anders als die der phänotypischen und biochemischen Merkmale, völlig unabhängig von Umweltfaktoren.

2.3.1 Isolierung von DNA aus Gerstenblattmaterial

Für die DNA-Extraktion wurden als Ausgangsmaterial jeweils drei Blätter von 5 verschiedenen Pflanzen genommen. Die Probenentnahme fand direkt auf dem Feld vor dem Zeitpunkt der Bestockung (EC 13-19) statt. Die DNA-Extraktion wurde nach einer modifizierten Form des CTAB - Protokolls von Saghai-Maroo et al. (1984) durchgeführt.

Nachdem das Blattmaterial mit 15 ml Sorbitol-Puffer und 0,075 g Na-Bisulfit versetzt worden ist, wurde es mit Hilfe eines Ultrathurrax (Firma: IKA[®]-Werke, Fabrika: T25 basic) homogenisiert. Auf die anschließende Filtration des gewonnenen Homogenisates in ein steriles Falcon, wurden die Proben bei 5000 U/min. und 4°C für 15 min. zentrifugiert (Firma: Heraeus Sepatech, Fabrikat: Variofuge 3.0). Der Überstand wurde dekantiert und das Pellet in 2,5 ml Sorbitol und 0,0125 g Na-Bisulfit resuspendiert. Den resuspendierten Proben wurde jeweils 2,5 ml Kernlysepuffer und 1 ml Laurylsarkosin hinzugefügt und danach wurden die Proben bei 150 U/min. und 60°C für 30 – 60 min. inkubiert. Anschließend wurden die Proben mit 6 ml Chloroform/Isoamylalkohol (24:1) versetzt, 10 min. geschüttelt und dann erneut bei 5000 U/min. und 4°C für 30 min. zentrifugiert. Der wässrige Überstand wurde in ein steriles Falcon überführt und die DNA unter Zugabe eines Alliquots eiskalten Isopropanoles gefällt. An die Fällung schloss sich eine erneute Zentrifugation bei 5000 U/min. und 4°C für 30 min. an. Das Isopropanol wurde verworfen und das Pellet vorsichtig mit 2 ml 70%igen Ethanol gewaschen. Anschließend wurden die Proben bei 5000 U/min. und 4°C für 4 min. zentrifugiert und der Überstand erneut verworfen. Nachdem das Pellet vollständig getrocknet war, wurde es, je nach Ausbeute, in 50 – 1000 µl sterilem H₂O_(demin) resuspendiert. Von den fertig extrahierten Proben wurden Alliquots als Arbeitslösung bei -

20°C gelagert, die restliche Probe wurde als Stammlösung bei -80°C tiefgefroren und kann so auf unbestimmte Zeit gelagert werden.

Sorbitol-Puffer

Sorbitol	350 mM
Tris	100 mM
EDTA	5 mM
HCl (konz.)	pH 7,5
H ₂ O (demin.)	ad 2 l

Lagerung bei 4°C

Kernlyse-Puffer

Tris	200 mM
EDTA	50 mM
NaCl ₂	2 M
CTAB	2 %
H ₂ O (demin.)	ad 5 l

Lagerung bei Raumtemperatur

Laurylsarkosin 5%

Laurylsarkosin	25 g
H ₂ O (demin.)	ad 500 ml

Lagerung bei Raumtemperatur

Chloroform/Isoamylalkohol 24:1

24 Volumenanteile Chloroform + 1 Volumenanteil Isoamylalkohol. Lagerung bei Raumtemperatur unter dem Abzug!!!

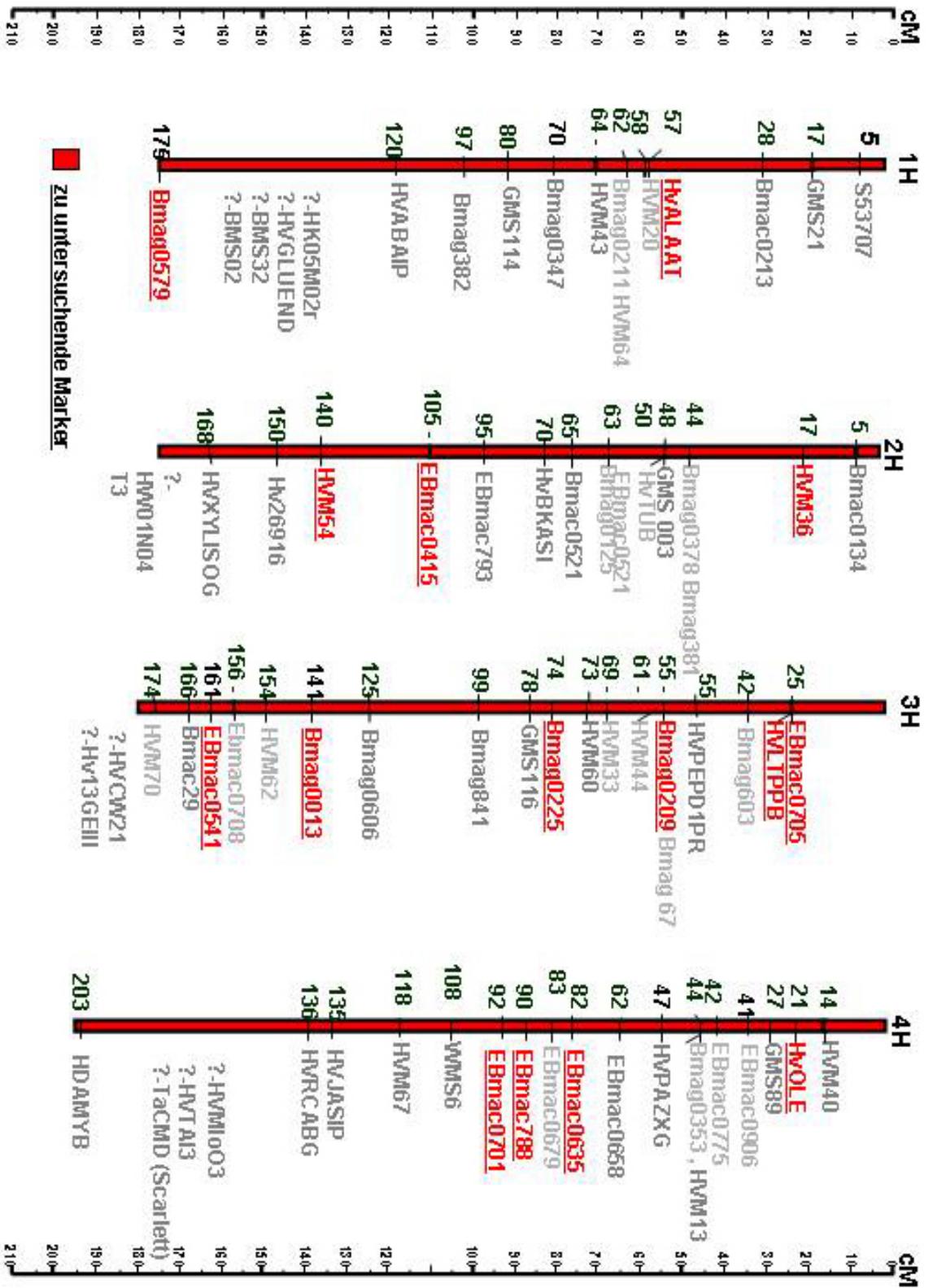
2.3.2 Mikrosatelliten – Marker (SSR – Marker)

Im Rahmen der Laboruntersuchungen wurden 50 Mikrosatelliten – Marker (im Folgenden vereinfachend „SSR-Marker“ genannt) auf ihren Polymorphiegrad und somit auf ihre Anwendbarkeit hin untersucht. Aus diesen SSR-Marker wurden letztendlich 23 ausgewählt, mit denen alle Muster untersucht wurden. Eine genaue Liste der untersuchten SSR-Marker ist in Tabelle 2.7 aufgeführt.

Tabelle 2.7: Liste der untersuchten SSR-Marker, die zur Erstellung der Abstammungsanalyse verwendet wurden.

Lauf.-Nr.:	MGB – Nummer	Name	Chromsom	amplifizierte Allele	Referenz
01	23	HVALAAT	1 H	5	Pillen et al., 2000
02	46	HVM 36	2 H	6	Liu et al., 1996
03	52	HVM 54	2 H	5	Liu et al., 1996
04	111	HVLTPPB	3 H	4	Pillen et al., 2000
05	203	EBmac 0415	2 H	3	Waugh et al., 1997
06	205	Bmac 0209	3 H	5	Waugh et al., 1997
07	208	Bmag 0225	3 H	8	Waugh et al., 1997
08	209	Bmag 0013	3 H	9	Waugh et al. 1997
09	210	EBmac 0541	3 H	8	Waugh et al., 1997
10	217	EBmac 0701	4 H	10	Waugh et al., 1997
11	218	EBmac 0788	4 H	8	Ramsey et al., 2000
12	221	Bmag 0337	5 H	5	Waugh et al., 1997
13	228	Bmac 0316	6 H	8	Waugh et al., 1997
14	245	Bmac 0156	7 H	9	Waugh et al., 1997
15	247	HVOLE	4 H	5	Ramsey et al., 2000
16	260	EBmac 0705	3 H	5	Waugh et al., 1997
17	282	Bmag 0579	1 H	5	Waugh et al., 1997
18	289	EBmac 0635	4 H	9	Waugh et al., 1997
19	294	Bmac 0040	6 H	7	Waugh et al., 1997
20	434	GBM 1016	2 H	5	Thiel et al., 2003
21	444	GBM 1026	5 H	7	Thiel et al., 2003
22	465	GBM 1047	2 H	5	Thiel et al., 2003
23	466	GBM 1048	4 H	8	Thiel et al., 2003

Die Anzahl der, mit Hilfe der SSR-Marker, amplifizierten Allele erstreckten sich von drei Allelen (*EBmac 0415*) bis zu zehn verschiedenen Allelen (*EBmac 0701*). Die durchschnittliche Anzahl von Allelen pro SSR-Marker beträgt 6,48 Allele. Eine Übersicht der Verteilung der Marker auf den Gerstenchromosomen ist in Abbildung 2.5 dargestellt.



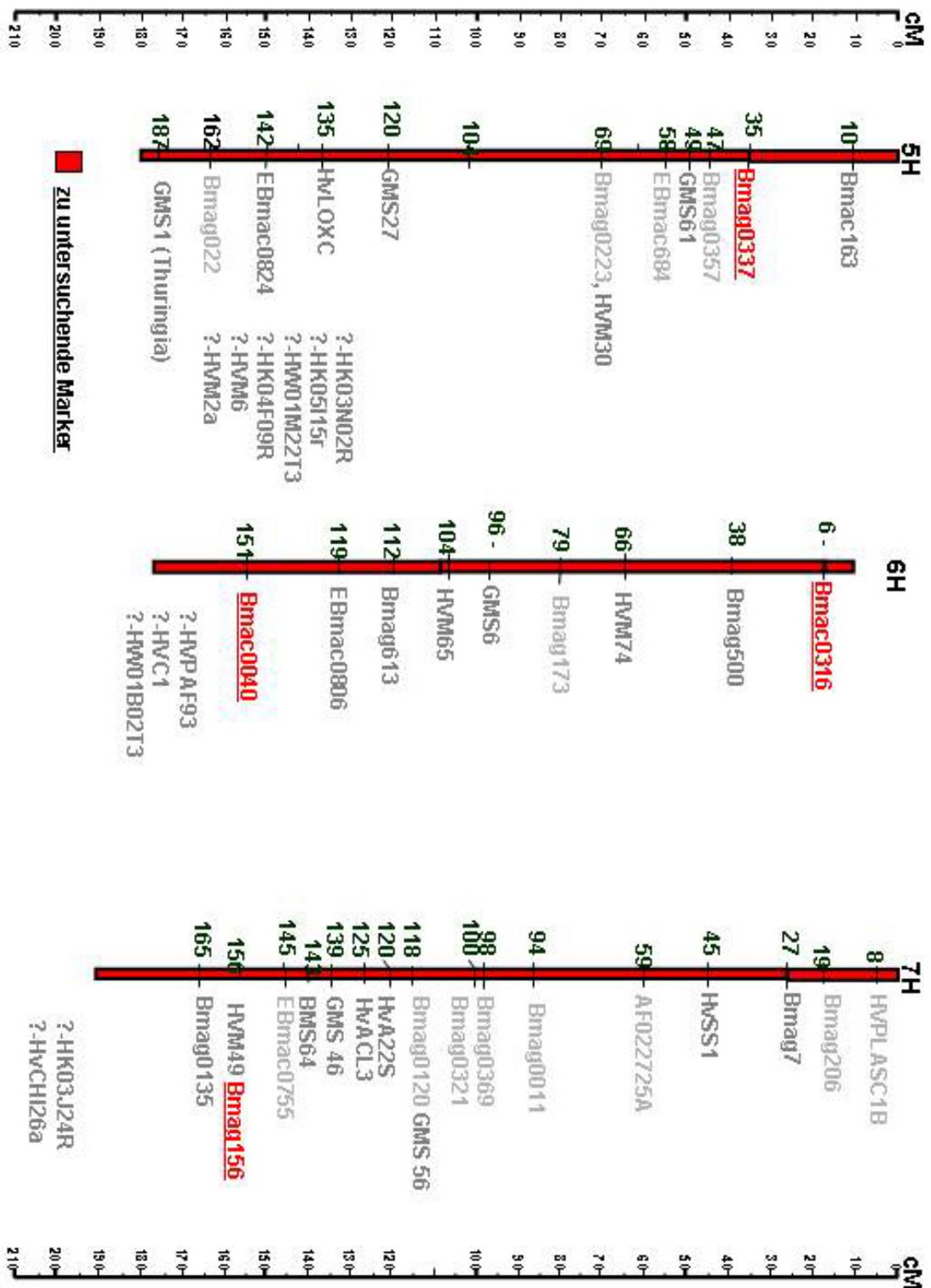


Abbildung 2.5: Kartierung der SSR-Marker auf der modifizierten Kopplungskarte Lina x *H. vulgare* ssp. *spontaneum* (Canada Park Population) nach Ramsey et al. (2000). Die im Rahmen der vorliegenden Arbeit evaluierten SSR-Marker auf den 7 Gerstenchromosomen sind durch Unterstreichen kenntlich gemacht worden. Auf den Achsen ist die jeweilige Distanz in cM (Zentimorgan) dargestellt.

2.3.3 Amplifikation von spezifischen DNA – Fragmenten mittels Polymerase – Ketten – Reaktion (PCR)

Die Amplifikation der DNA – Fragmente erfolgte für alle SSR-Marker in einem einheitlichen Reaktionsgemisch in 96er Maßstab. Die Zusammensetzung des Reaktionsgemisches zu je 20 µl Endvolumen ist nachfolgend aufgeführt.

	Menge	Endkonzentration
Template DNA	5 µl	100 ng
10fach PCR-Puffer	2 µl	1 fach
MgCl ₂ (25 mM)	2 µl	2 mM
dNTPs (10 mM)	1 µl	0,2 mM
forward Primer (10 µM)	0,1 µl	0,1 µM
reverse Primer (10 µM)	0,1 µl	0,1 µM
Taq-Polymerase (5U/µl)	0,05 µl	-
H ₂ O _(demin.) steril	ad 20 µl	-

Die eigentliche Amplifikation fand in Deep-Well-Platten in einem Thermocycler (Firma: Biometra; Fabrikat: Thermocycler) statt. Auch hier wurde für alle SSR-Marker ein einheitliches Programm (Tabelle 2.8) für die einzelnen Schritte der Amplifikationszyklen verwendet.

Tabelle 2.8: Programmparameter zur Durchführung einer 'touch-down' PCR im Thermocycler (Biometra).

Temperatur [°C]	Zeit [min.]	Zyklenzahl
94	1	10
55 – 65	1	
72	1	
94	1	30
55	1	
72	1	
75	5	1
4	∞	∞

Vor der Auftrennung auf dem Polyacrylamidgel wurden die Reaktionsgemische 2:1 (2 Teile Reaktionsgemisch : 1 Teil Stopp-Mix) mit Stoppmix versetzt und bei 94°C für 3 min. im Blockthermostat (Firma: HLC; Fabrikat: BT 1302) denaturiert.

SSR-Marker Stopp-Mix

95% Formamid	47,5 ml
0,05% Xylencyanol	25 mg
10 mM NaOH (10 M)	50 μ l
H ₂ O (demin)	ad 50 ml

2.3.4 Gelelektrophoretische Auftrennung der amplifizierten DNA – Fragmente

Die Auftrennung der amplifizierten DNA – Fragmente erfolgte mit Hilfe eines 0,4 mm starken, 6%igen und denaturierenden (8 M Harnstoff) Polyacrylamidgeles (PAA-Gel). Dabei wurden für die Auftrennung vertikale Gelelektrophoresekammern (Firma: Life Technologies; Fabrikat: S2-Kammer) eingesetzt.

Für die Herstellung des Silbergeles mussten zunächst die Glasplatten vorbereitet werden. Dafür wurden beide Glasplatten sorgfältig mit Rotisol[®] (Firma: Roth) gesäubert. Anschließend wurde die längere der beiden Glasplatten mit Blueslick (Firma: Serva) besprüht und der Überstand nach 5 min. Einwirkzeit mit einem Kleenex abgenommen. Die kürzere Gelplatte wurde mit der Silanisierungslösung beschichtet und der Überstand wurde ebenfalls nach 5 min. Einwirkzeit mit einem ethanolgetränkten Kleenex abgenommen. Die beschichteten Platten wurden daraufhin mit den Spacern (0,4 mm) zusammengesetzt und mit einem Gummirahmen fixiert. Die vorbereitete Polyacrylamidgel-Lösung wurde mit 600 μ l 10%igem Ammoniumpersulfat (APS) und 60 μ l N,N,N',N' - Tetramethyl-ethylendiamin (TEMED) versetzt und mit einer 60 ml Spritze zwischen die Platten gefüllt. Nach der Polymerisation (ca. 45 min.) konnte das Gel in die vorbereiteten Kammern (Firma: Lifetech; Fabrikat: S2-Kammer) eingespannt und für den Gellauf genutzt werden. Nach dem Vorlauf bei 100 Watt für ca. 30 min., wurde jeweils 5 μ l mit Stopp-Mix versetzte PCR-Probe auf das Geld aufgetragen. Die eigentliche Auftrennung der amplifizierten DNA – Fragmente erfolgte bei 80 Watt mit 0,5 fachem TBE als Laufpuffer, wobei die Zeitdauer der elektrophoretischen Auftrennung von der zu erwartenden Fragmentgröße abhängig war. Nach dem Lauf wurde die Glasplatte mit dem Gel in Fixierlösung gelegt.

Lösung für ein 6%iges Polyacrylamidgel

	Volumen	Endkonzentration
Harnstoff	25,2 g	7 M
TBE (5x)	6 ml	0,5x
AA/BIS (19:1)	9 ml	6%
H ₂ O _(demin.) steril	ad 60 ml	-

Lösung zum Silanisieren

Ethanol (100%)	950 µl
Essigsäure	50 µl
Silane (Serva)	3 µl

5x TBE – Gellaufpuffer (pH 8,3)

	Menge	Endkonzentration
Tris/HCl	275,56 g	0,45 M
Borsäure	139,12 g	0,45 M
EDTA	18,61 g	10 mM
H ₂ O _(demin.) steril	ad 5000 ml	-

2.3.5 Silberfärbung

Nachdem die Gele für 20 min. in der Fixierlösung fixiert worden sind, wurden sie 3x für 2 min. gewässert und anschließend für 30 min. in der Färbelösung inkubiert. Anschließend wurde der Überschuss an Färbelösung abgewaschen und das Gel in die Entwicklerlösung gelegt. Das Gel wurde dann so lange in der Entwicklerlösung inkubiert, bis distinkte Banden zu erkennen waren. Nachdem das Gel in der Fixierlösung für 2 min. abgestoppt worden war und erneut 2x für je 2 min. mit H₂O_(demin.) gewässert worden war, wurde es über Nacht unter dem Abzug getrocknet.

Fixier-Lösung (10%ige Essigsäure)

Essigsäure (100%)	160 ml
H ₂ O _(demin.)	ad 1600 ml

Färbe-Lösung

Silbernitrat	2 g
H ₂ O _(demin.)	ad 1600 ml

Entwickler

Na ₂ CO ₃ (wasserfrei)	48 g
Formaldehyd (37%)	2,4 ml
Na-Thiosulfat	320 µl
H ₂ O _(demin)	ad 1600 ml

2.3.6 Auswertung der Bandenmuster

Nach der Trocknung der Gele folgte die eigentliche Auswertung der Bandenmuster. Um die Auswertung der verschiedenen Gele (9 Gele/Marker) standardisiert vergleichen zu können wurden die Proben stets nach folgendem Muster aufgetragen.

Tabelle 2.9: standardisiertes Auftragsmuster für Silbergele

100 bp - Standard	10 bp - Standard	Referenz Karola	7 Proben	10 bp - Standard	5 Wiederholungen
-------------------	------------------	-----------------	----------	------------------	------------------

Als Größenvergleich zwischen den verschiedenen Gelen wurde das Muster „Karola“ verwendet. So war es möglich eventuelle Bandenverschiebungen zwischen den Gelen zu lokalisieren und diese in der Auswertung zu berücksichtigen. Zur Orientierung im Gel wurde in regelmäßigen Abständen von sieben PCR - Proben ein 10 bp – Standard aufgetragen.

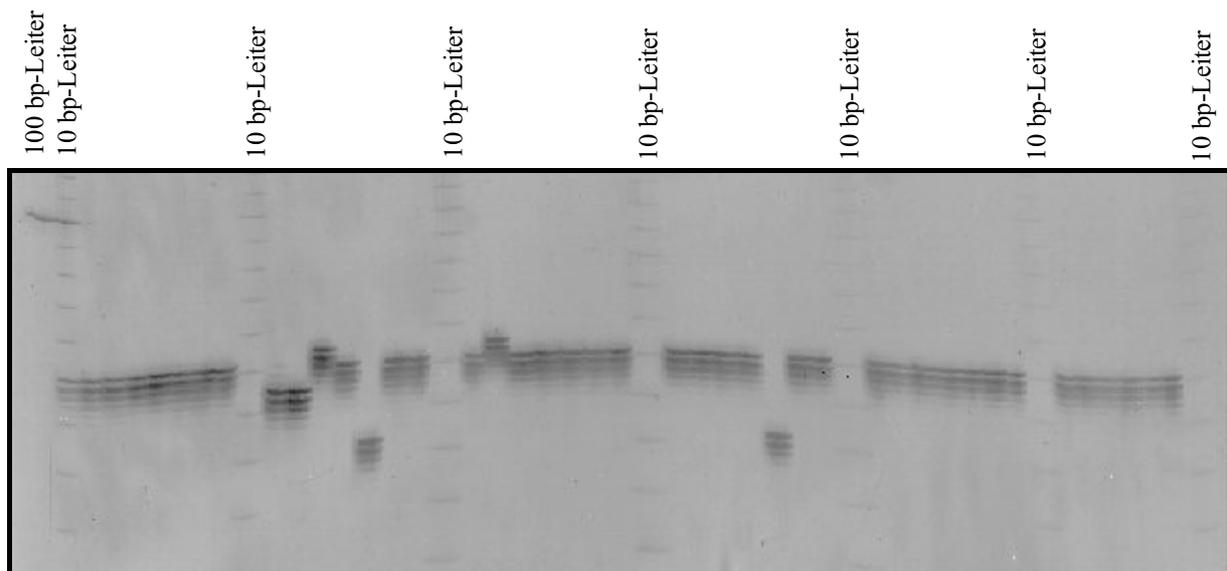
**Abbildung 2.6: Bandenmuster nach der gelelektrophoretischen Auftrennung des SSR-Markers MGB 217 (Chr. 4 H).**

Abbildung 2.6 zeigt beispielhaft das Bandenmuster nach der gelelektrophoretischen Auftrennung im PAA-Gel.

Nach der Auftrennung im PAA-Gel wurden die amplifizierten Fragmente pro Marker ermittelt und anschließend wurden für jedes Muster diese in eine binäre Matrix zur Abstammungsuntersuchung überführt. Dabei wurde für die Anwesenheit eines Fragmentes bei einem gegebenen Marker als 1 (geschrieben: eins) markiert und die Abwesenheit als 0 (geschrieben: null). Für Ausfälle wurde programmbedingt eine „99“ notiert.

2.4 Abstammungsanalyse auf Basis der SSR-Marker mit Hilfe NTSYSpc-Software

Für die Auswertung der SSR-Marker-Analyse wurde die Software NTSYSpc Version 2.02i (©1986 – 1998, Firma: Applied Biostatistics Inc.) verwendet (Abbildung 2.7).

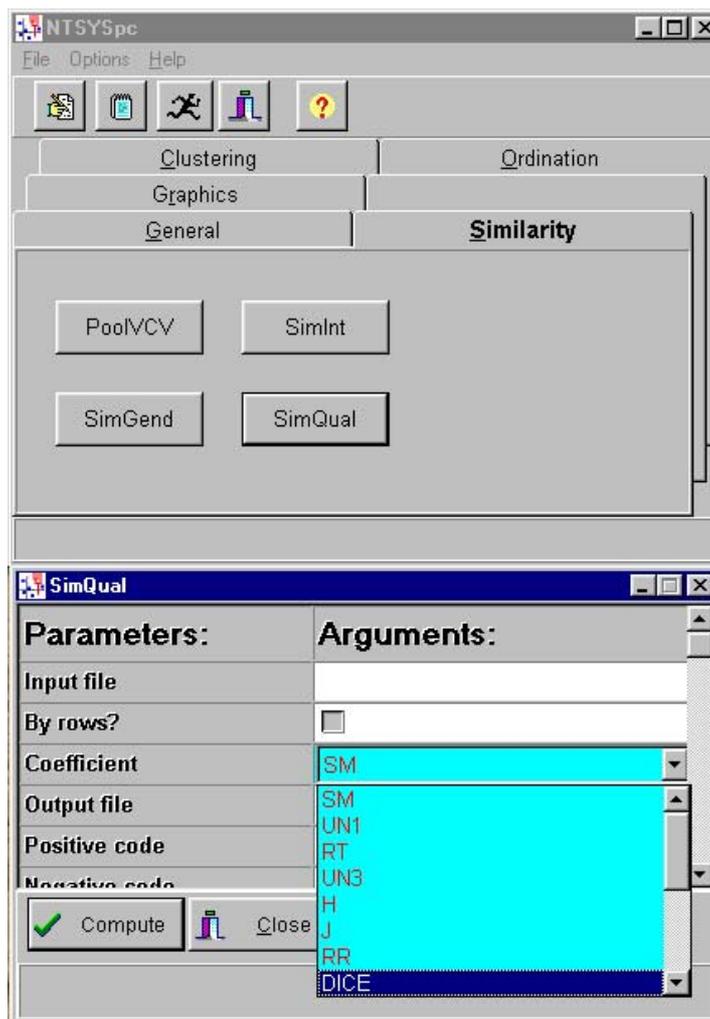


Abbildung 2.7: Screenshot der NTSYSpc Version 2.02i Software zur Berechnung der genetischen Ähnlichkeit (GS) zwischen den verwendeten Gerstenmuster.

Nach dem Einlesen der, in Excel erstellten, binären Matrix in den Editor des Programmes wurden die Werte mit Hilfe des DICE-Algorithmus (Nei und Li, 1979) auf ihre genetische Ähnlichkeit (similarity) hin untersucht.

$$GS = \frac{2N_{xy}}{N_x + N_y}$$

GS: genetische Ähnlichkeit (genetic similarity)

N_{xy} : Anzahl der gemeinsamen Fragmente zwischen der Linie x und der Linie y

N_x ; N_y : Anzahl der Fragmente in der Linie x respektive der Linie y

Nach der Bestimmung der genetischen Ähnlichkeit mittels des DICE – Algorithmus findet das Clustering mittels der SAHN (Sequential agglomerative hierarchical nested cluster analysis) Analyse nach Sneath and Sokal (1973) und Dunn and Everitt (1982) statt (Abbildung 2.8).

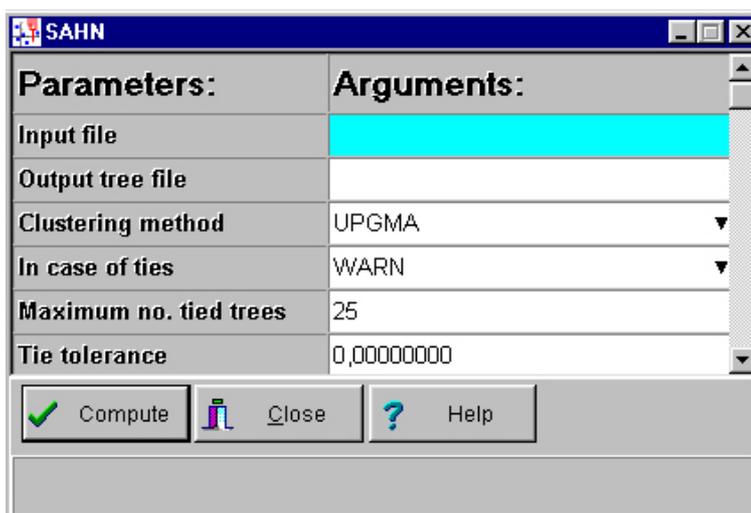


Abbildung 2.8: Screenshot der SAHN-Methode aus NTSYSpc Version 2.02i

Als Clustermethode wird die UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic average) – Methode verwendet, um ein Dendrogramm zu erstellen, das die Verwandtschaft der verschiedenen Muster untereinander illustriert.

2.5 Abstammungsanalyse auf Basis der Kreuzungsinformationen mit Hilfe der NTSYSpC-Software

Für die Abstammungsanalyse auf Basis der Kreuzungseltern wurden diese zunächst in eine binäre Matrix überführt. Hierbei wurde jedem Kreuzungselter eine fortlaufende Nummer zugewiesen und diese dann, wie bei der SSR-Markeranalyse als anwesende bzw. abwesende „Bande“ detektiert. Die hieraus resultierende binäre Matrix wurde, wie schon die SSR-Markerdaten mit Hilfe der Software NTSYSpC Version 2.02i verrechnet.

2.6 Hauptkoordinatenanalyse (Principal coordinate analysis, PCoA)

Die Hauptkoordinatenanalyse beschreibt ein mathematisches Verfahren zur Extraktion von Faktoren, die im Rahmen der vorliegenden Arbeit ebenfalls mit NTSYSpC Vers.2.02i ermittelt wurden. Bei der Hauptkoordinatenanalyse wird der erste Faktor (Dimension) so gelegt, dass er möglichst viel der Gesamtvarianz aller Variablen auf sich bindet. Der zweite (und jeder weitere Faktor) wird nun so gelegt, dass er möglichst viel der noch verbleibenden Restvarianz (ohne die vom ersten Faktor) auf sich bindet. Aufgrund der Übersichtlichkeit werden nur 2 dimensionale Plots betrachtet.

3. Ergebnisse

Im Folgenden werden die Ergebnisse von verschiedenen Ansätzen und verschiedenen Methoden für die Erstellung einer Core-Collection vorgestellt. Da die Herangehensweise sowohl für die „Untergruppe“ der Sommergersten, also auch für die der Wintergersten identisch ist, wird diese zunächst bei der Sommergerste ausführlich erörtert und anschließend bei den Wintergersten an geeigneter Stelle nur kurz erwähnt werden.

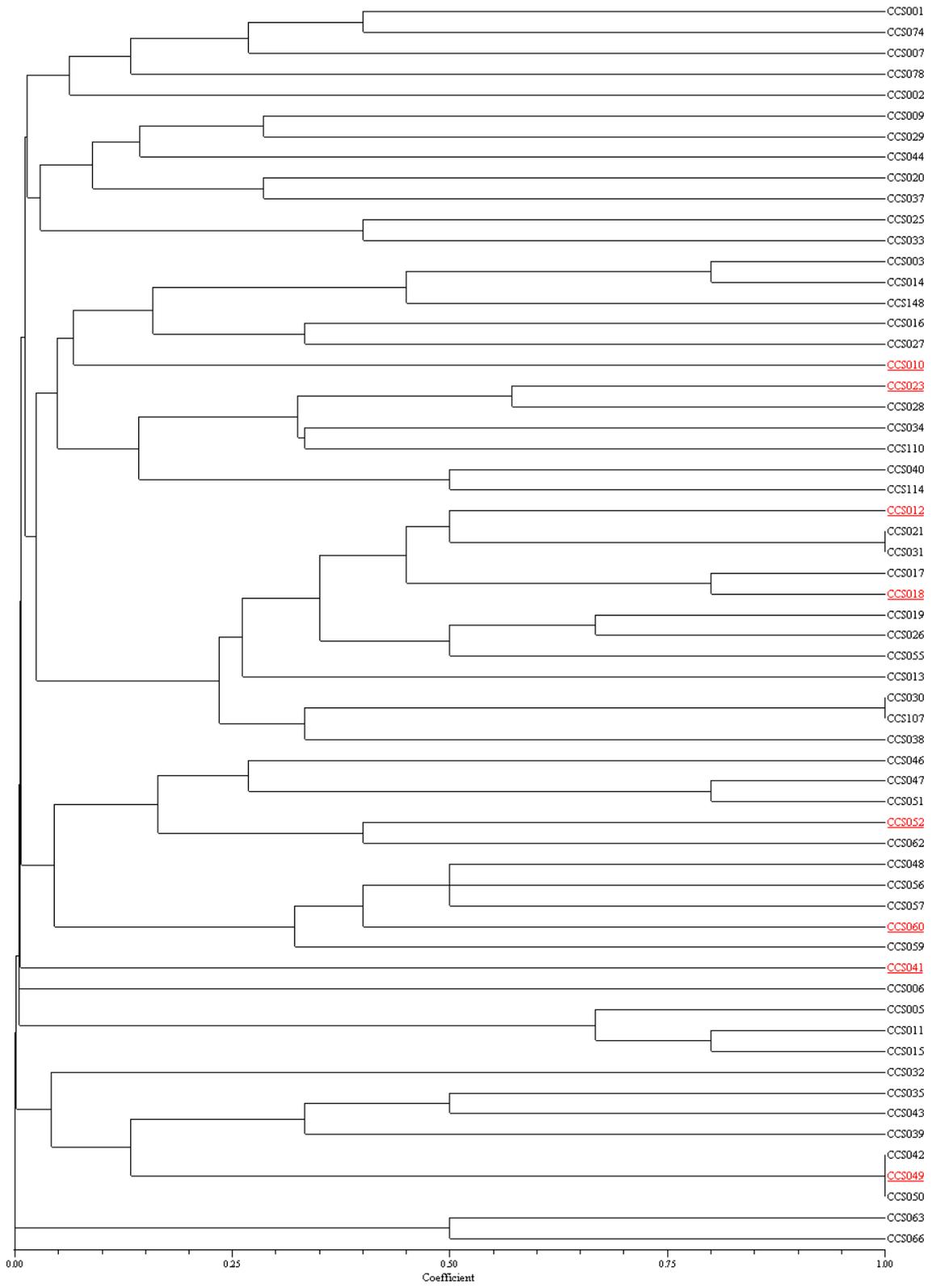
Aufgrund der Mikrosatellitenanalyse konnte eine distinkte Aufspaltung der Sommer- und Wintergerstensorten gezeigt werden, somit werden diese beiden Gruppen getrennt untersucht und nachdem für jede „Untergruppe“ eine Musterauswahl getroffen worden ist, werden diese in einer endgültigen Gersten Core-Collection für NRW zusammengeführt.

3.1 Analyse der Sommergerstenmuster

Die Analyse der Sommergerstenmuster gliederte sich in die folgenden Schritte. Zunächst wurde eine Abstammungsanalyse auf Basis der Informationen über die Kreuzungseltern (3.1.1, Seite 34) durchgeführt. Hierzu wurden die Informationen über die direkten Eltern verwendet, die in der Liste zur Abstammung der Gerstensorten (Aufhammer, 2000) aufgeführt sind. Parallel dazu wurden die Ergebnisse der SSR-Markeranalyse (3.1.2, Seite 47) verwendet, um mit Hilfe derer ebenfalls eine Abstammungsanalyse durchzuführen. Beide Analysen hatten als Ergebnis ein Dendrogramm, das die Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den verschiedenen Gerstenmuster darstellt. Abschließend wurde zur weiteren Überprüfung und zur letztendlichen Musterauswahl eine Hauptkoordinatenanalyse (3.1.3, Seite 41) durchgeführt.

3.1.1 Abstammungsanalyse auf Basis der Kreuzungselterinformationen

Wie in Abbildung 3.1 zu erkennen ist, ist es möglich schon aufgrund der Informationen über die Kreuzungseltern eine grobe Einteilung der Gerstenmuster in verschiedene Cluster zu erzielen. Als Nachteil gereicht hier die Tatsache, dass Informationen über die Kreuzungseltern von nur 82 der insgesamt 152 Muster zur Verfügung standen, was einem prozentualen Anteil von 53,95% entspricht. Zusätzlich zu der geringen Anzahl an Mustern für die überhaupt Informationen über die Kreuzungseltern vorliegen, kommt der Umstand, dass nur die Kreuzungseltern in der ersten Generation bekannt sind. Die Auftrennung kann also nicht durch mehrere Kreuzungsgenerationen erhöht werden. Dies wäre möglich, wenn es sich bei den Kreuzungseltern auch wieder um eingetragene Sorten gehandelt hätte, aber diese Informationen sind äußerst dünn gesät und meistens handelt es sich bei den Kreuzungseltern der Muster um Linien, die



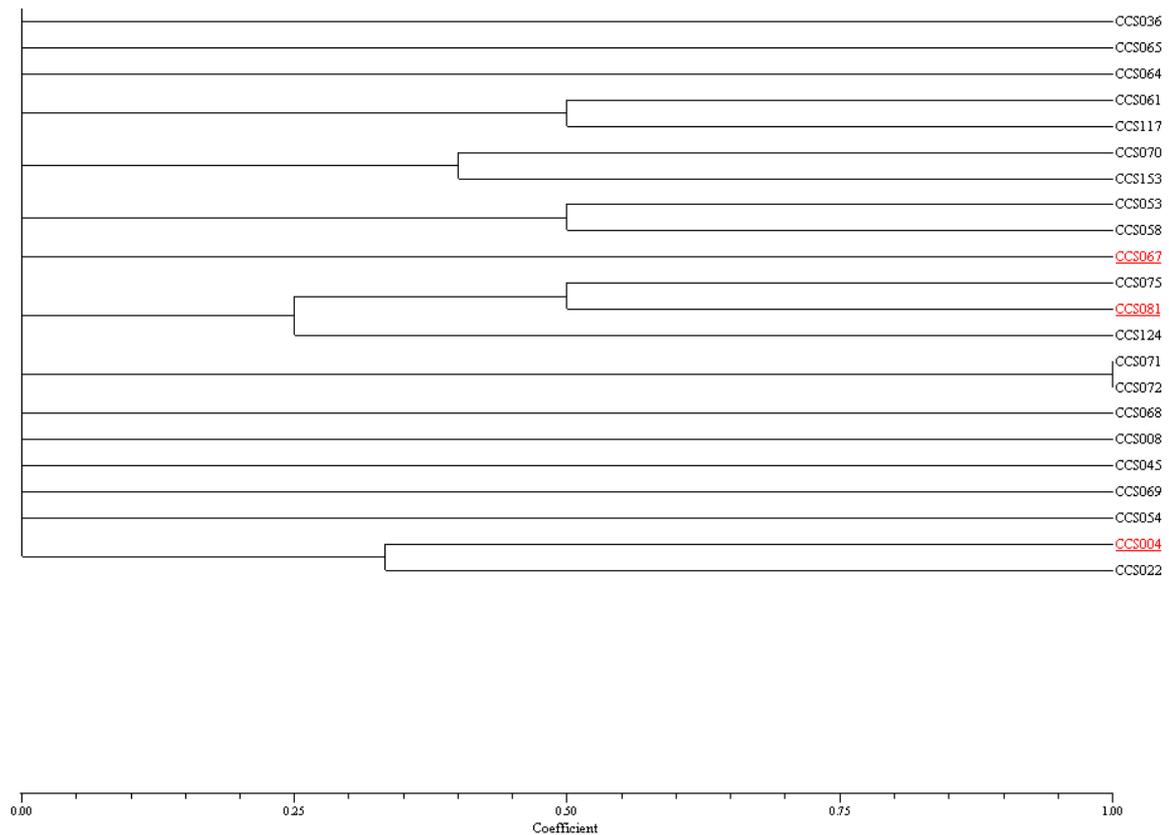


Abbildung 3.1: Dendrogramm der Ähnlichkeitsbeziehungen zwischen 82 der 152 evaluierten Sommergerstenmustern, erstellt nach dem „average-linkage“ Verfahren mit Hilfe der Software NTSYSpc Vers.2.02i. Die genetischen Ähnlichkeitskoeffizienten (Coefficient) wurden auf Basis der jeweiligen Kreuzungseltern ermittelt. Die Muster der Core-Collection sind gekennzeichnet (rot).

bei den Züchterhäusern selber entwickelt wurden und deren genaue Dokumentation nicht vorlag.. Insofern kann man über die Abstammungsanalyse auf Basis der Abstammungsdaten festhalten, dass sie sich, aufgrund der Datenlage, nicht zu einer Differenzierung der Muster eignet. Trotzdem, wurden die Muster der Core-Collection, soweit sie in diese Abstammungsanalyse eingegangen sind, in dem Dendrogramm gekennzeichnet (rot, unterstrichen). Bei der Betrachtung der Sortenverteilung innerhalb des Dendrogrammes wird deutlich, dass sich die Muster der Core-Collection trotz der geringen Datengrundlage gut in die erzielte Clusterung einpassen. Somit kann man rückblickend festhalten, dass diese Art der Analyse nicht für die Erstellung einer Core-Collection geeignet ist, dass sie aber durchaus zur Überprüfung dieser herangezogen werden sollte. Darüber hinaus werden auch Informationen darüber geliefert, ob es sich bei den Sorten um kreuzungstechnisch sehr ähnliche Sorten handelt, wie das z.B. für die Muster „CCS071/CCS072“ (v.Lochow) und die Muster „CCS042/CCS049/CCS050“ (Nickerson) der Fall ist (siehe auch: 9.1 Seite: 64). Interessant ist hierbei auch, dass es sich bei den Mustern mit identischen Kreuzungseltern, um ehemalige

Sorten handelt, die von demselben Züchter gezüchtet wurden und dass diese Sorten in einem sehr kurzen Zeitraum die Sortenzulassung erhalten haben (Tabelle 3.1).

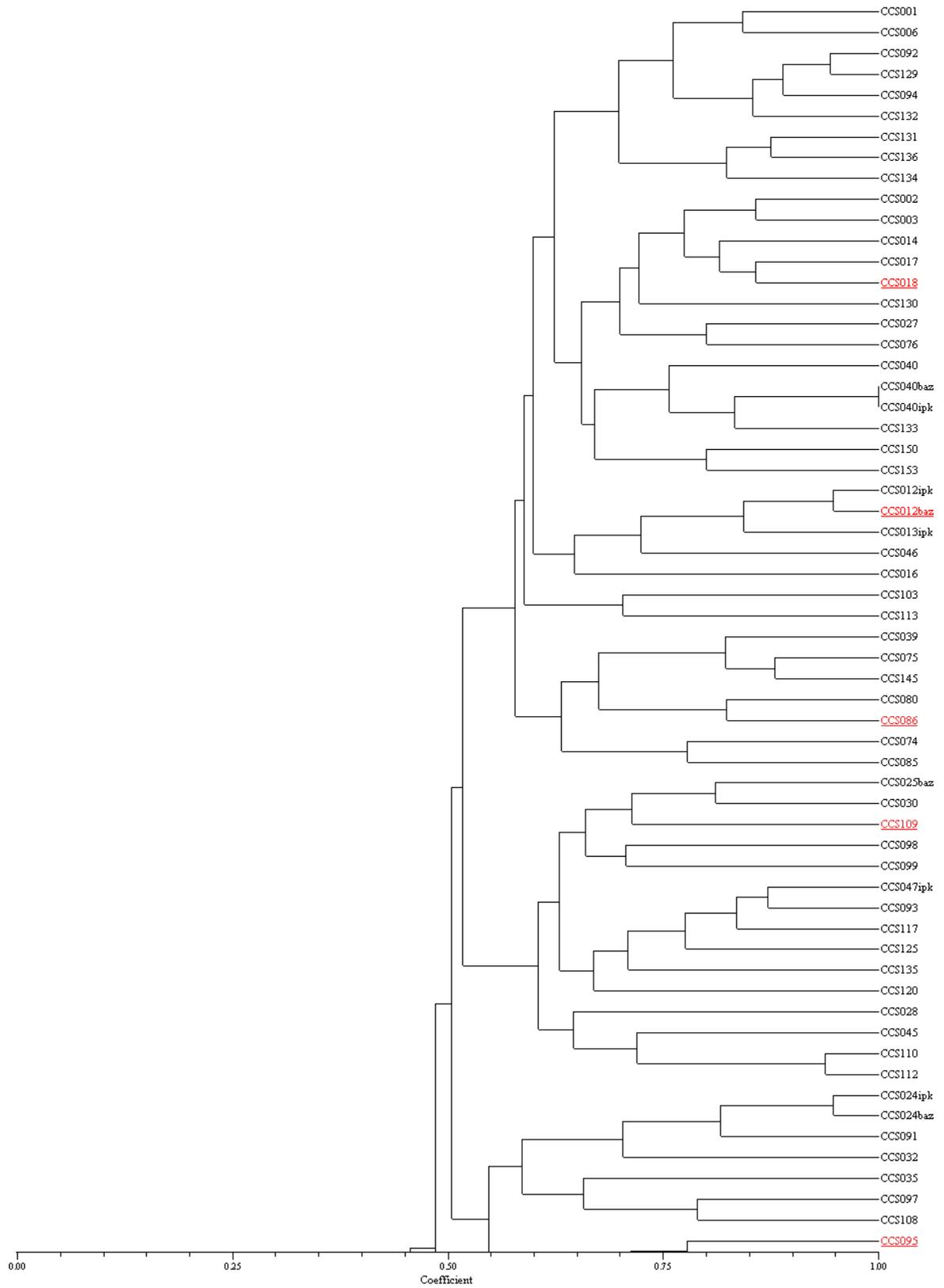
Tabelle 3.1: Muster die auf Basis der Informationen über die Kreuzungseltern als identisch angesehen werden müssen.

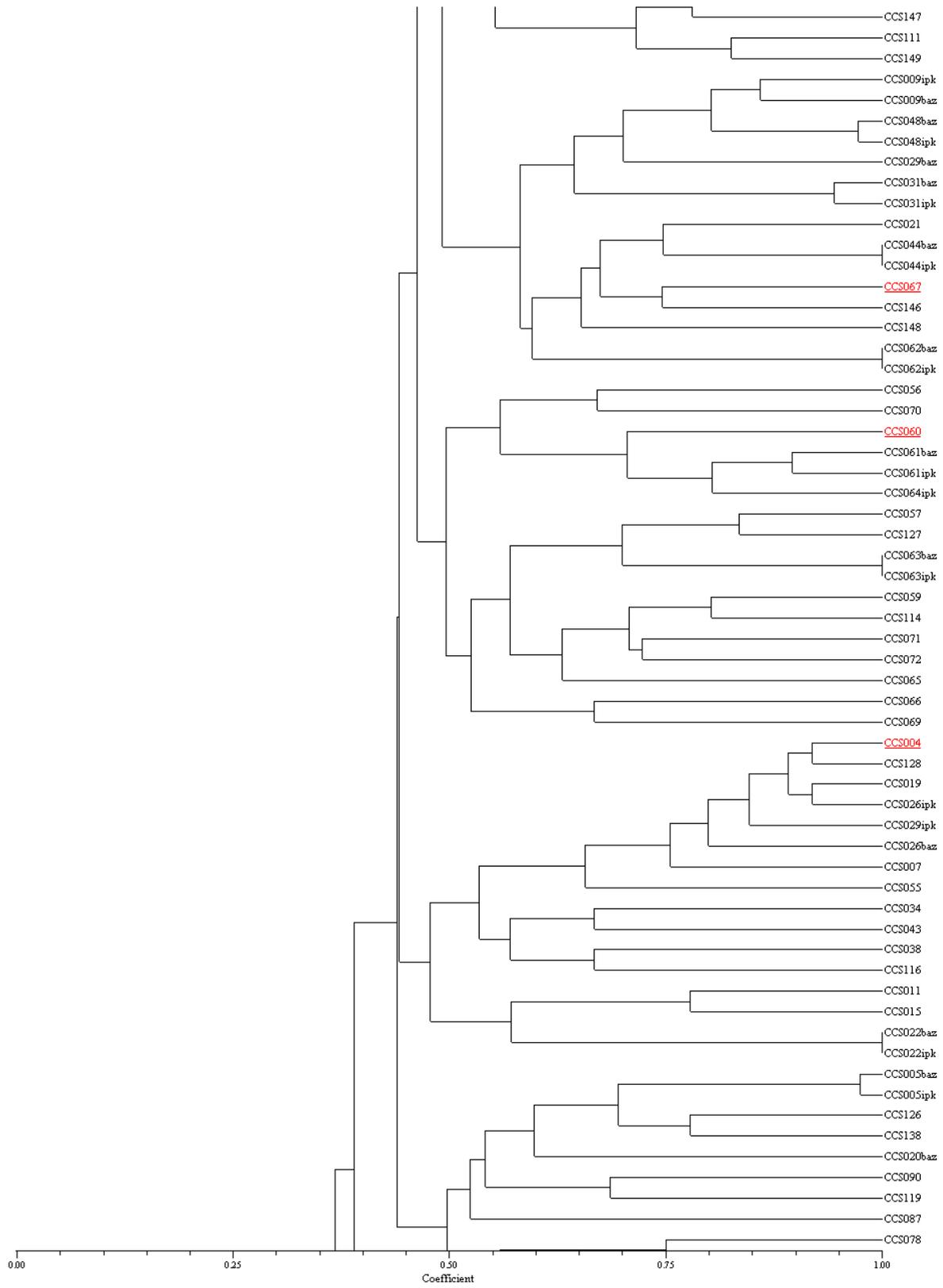
Interne Nummer	Sortenname	Züchter	Jahr
CCS071	Madonna	v. Lochow	1997
CCS072	Pasadena	v. Lochow	1998
CCS042	Cerise	Nickerson	1981
CCS049	Candice	Nickerson	1984
CCS050	Golf	Nickerson	1982

Unterstützt wird diese Vermutung durch die Tatsache, dass diese Sorten auch aufgrund der SSR-Markeranalyse (Abbildung 3.2) eine sehr enge Verwandtschaft aufweisen.

3.1.2 Abstammungsanalyse auf Basis der SSR-Markeranalyse

Ein wesentlicher Unterschied zu dem Dendrogramm, der auf den Informationen der Kreuzungseltern basiert, liegt bei der SSR-Markeranalyse darin, dass sich dieses Dendrogramm auf das Erbgut der einzelnen Muster stützt und zudem auf einer wesentlich breiteren Datengrundlage. Wie in Abbildung 3.2 deutlich zu erkennen ist, ist die Aufspaltung der einzelnen Muster in distinkte Cluster wesentlich eindeutiger, als zuvor bei dem Dendrogramm aus den Kreuzungselterinformationen. Aufbauend auf dieser Datengrundlage ist es nun möglich, stellvertretend für jedes Cluster ein Muster zu wählen, das letzten Endes in die Core-Collection einfließen soll. Um die Auswahl auf eine stabilere Basis stellen zu können, ist es aber zudem notwendig eine Hauptkoordinatenanalyse durchzuführen. Ergänzend mit der Hauptkoordinatenanalyse ist es möglich die Muster für die Core-Collection „eindeutig“ festzulegen. Die Muster, die nach dem Vergleich der verschiedenen Methoden in die Core-Collection eingeflossen sind, sind im Dendrogramm **rot hervorgehoben** und unterstrichen. Anzumerken ist, dass von der Anzahl mehr Muster geprüft worden sind, als in der Auswahl vorgestellt wurde. Dies beruht darauf, dass für einige Muster sowohl Saatgut aus dem IPK Gatersleben, als auch aus dem BAZ Braunschweig zur Verfügung stand und diese getrennt evaluiert wurden. Die verschiedenen Muster sind mit „ipk“ für das IPK Gatersleben und mit „baz“ für das BAZ Braunschweig gekennzeichnet. Bei einigen Mustern, die unter der gleichen Bezeichnung eingelagert wurden ist auffällig, dass sie verwandtschaftlich sehr weit auseinander liegen. Diese Daten müssen in weiteren Untersuchungen und eventuell mit größerem Umfang untersucht werden.





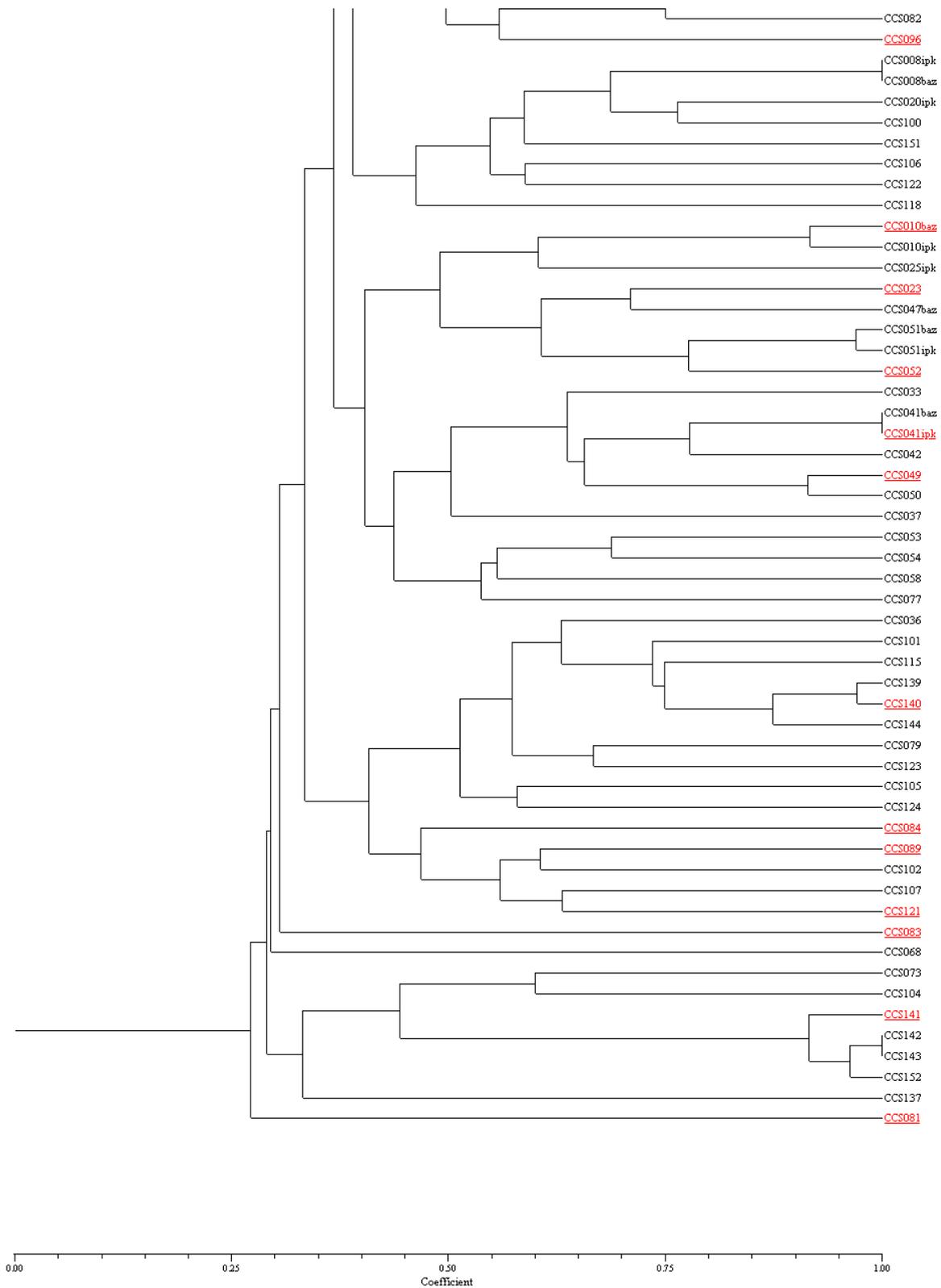


Abbildung 3.2: Dendrogramm der Ähnlichkeitsbeziehungen zwischen 174 (teilweise Doppelbestimmung, durch Genbankmaterial aus dem IPK und dem BAZ) den 152 evaluierten Sommergerstenmustern, erstellt nach dem „average-linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i. Die genetischen

Ähnlichkeitskoeffizienten wurden auf Basis der SSR-Markeranalyse ermittelt. Die Muster der Core-Collection sind gekennzeichnet (rot).

Zudem ist es auch möglich, dass die Anzahl an molekularen Markern hier nicht ausreichend ist, um die Verwandtschaft dieser Sorten eindeutig zu klären. Dies trifft im Rahmen der Datenerhebung für die Muster CCS025ipk/baz, CCS047ipk/baz und CCS029ipk/baz zu. Bei den verbleibenden Mustern der beiden Genbanken konnte eine zufrieden stellende Verwandtschaft nachgewiesen werden.

3.1.3 Hauptkoordinatenanalyse (Principal coordinate analysis, PCoA)

Abschließend wurde eine Hauptkoordinatenanalyse der Sommergerstenmuster durchgeführt. Abbildung 3.3 zeigt die Verteilung der Sommergerstenmuster in einer zweidimensionalen Hauptkoordinatenanalyse. Man erkennt eine deutliche Konzentration der Muster in den Quadranten X, XI und XIV, während im Quadrant XVI kein Muster liegt. Für die Auswahl der Muster, die in die Core-Collection einfließen sollen, wurde die PCoA systematisch in 16 Untergruppen unterteilt und aus jeder dieser Untergruppen jeweils ein Muster, stellvertretend für die gesamte Variation an Mustern, ausgewählt. Ausgewählt wurde das Muster, das dem Mittelpunkt des einzelnen Quadranten am nächsten lag.

Zusätzlich zu den so ausgewählten Mustern, wurden noch die Muster ausgewählt, die auf den Extrema der beiden Dimensionen zu liegen kommen (CCS084, Quadrant IV und CCS140, Quadrant VIII). Neben diesen beiden Mustern, die eine extreme Varianz auf Grundlage der PCA aufweisen, wurde auch das Muster CCS081 ausgewählt, da es auf Grundlage der SSR-Markernanalyse im Dendrogramm, sich phylogenetisch frühzeitig von den übrigen Mustern abspaltet und ein eigenständiges Cluster bildet.

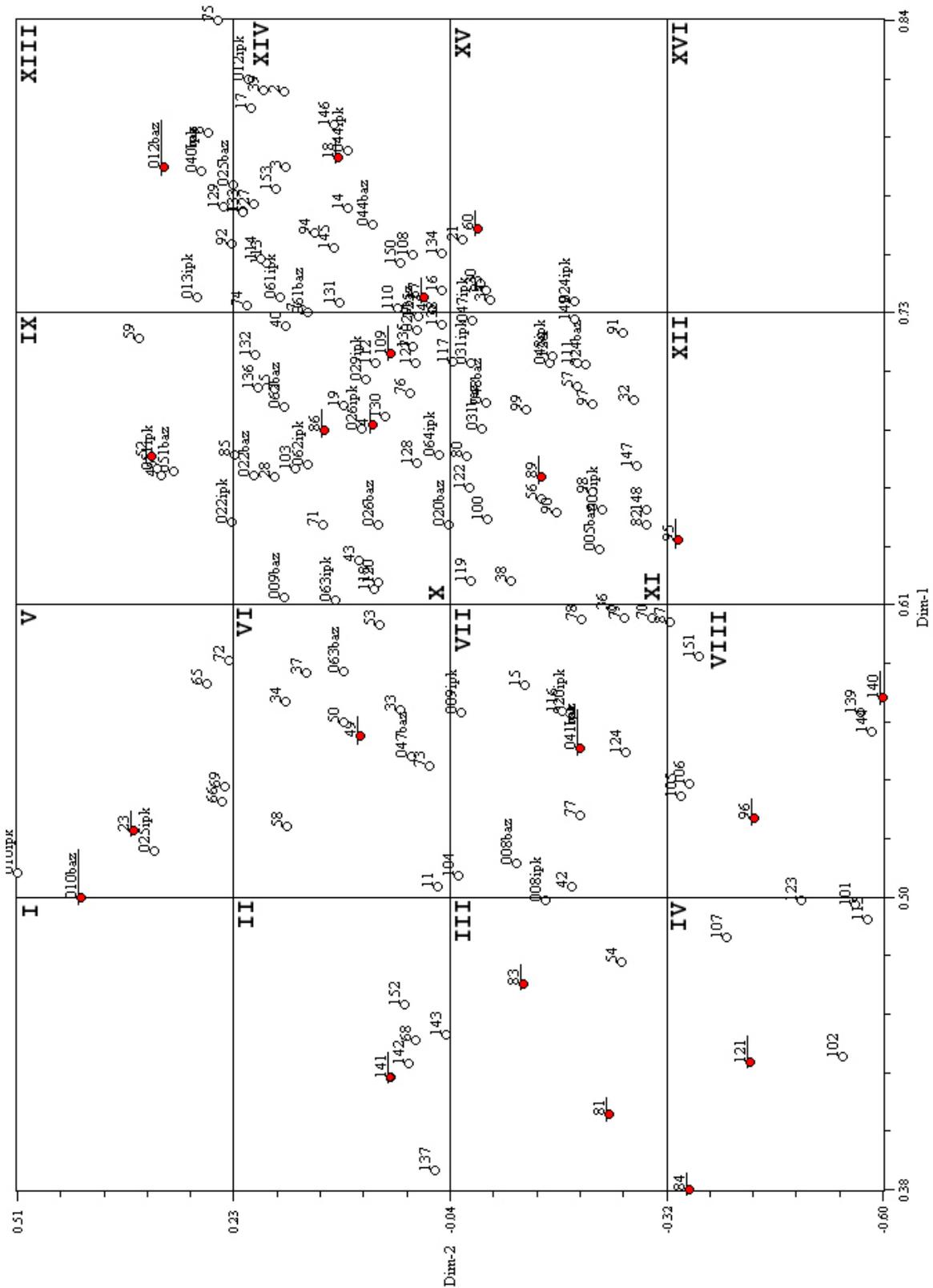


Abbildung 3.3: Zweidimensionale Hauptkoordinatenanalyse der Sommergerstenmuster auf Basis der Markerdaten.

3.2 Die Muster der Sommergersten Core-Collection

Aus den Ergebnissen der verschiedenen Verfahren resultieren 21 Sommergerstenmuster (Tabelle 3.2), die die Variabilität der gesamten Sommergerstenmuster bestmöglich auf sich vereinen, und somit für eine Aufnahme in die Core-Collection vorgeschlagen werden. Neben einer, soweit bekannt, über die Jahre gleichmäßig verteilten Auswahl an Mustern konnten auch verschiedene andere Merkmale, wie z.B. die Zeiligkeit (sechs- und zweizeilig), aber auch der Korntyp (bespelzt/unbespelzt) abgedeckt werden.

Tabelle 3.2: Liste der, auf Basis der Abstammungs- und Hauptkoordinatenanalyse ausgewählten Sommergerstenmuster, die für die Core-Collection vorgeschlagen werden.

Quadrant PCA	Interne Bezeichnung	Sortenname	Typ	Jahr (Zulassung)
I	CCS010	Emir	S2	1969
II	CCS141	Heidesandgerste	S6	unbekannt
III	CCS083	Schwarze G.V. Strube	S2	unbekannt
III	CCS081	Peragis	S2	1932
IV	CCS084	Alpine Pfauengerste	S2	unbekannt
IV	CCS121	Voldagsen	S2	unbekannt
V	CCS023	Aramir	S2	1974
VI	CCS049	Candice	S2	1984
VII	CCS041	Kym	S2	1981
VIII	CCS096	Oberpfälzer	S2	unbekannt
VIII	CCS140	Reisgersten Linie II	S2	unbekannt
IX	CCS052	Camelot	S2	1984
X	CCS086	Dummersdorf	S2	unbekannt
X	CCS004	Ingrid	S2	1959
X	CCS109	Danubia	S2	1910
XI	CCS089	Jassener Land	S2	unbekannt
XII	CCS095	Neuhaus Landgerste	S2	unbekannt
XIII	CCS012	Contra	S2	1968
XIV	CCS018	Carina	S2	1971
XIV	CCS067	Otis	S2	1992
XV	CCS060	Cheri	S2	1987
XVI	---	---	---	---

3.3 Analyse der Wintergerstenmuster

Wie schon bei der Analyse der Sommergersten, spaltet sich auch die Analyse der Wintergerstenmuster in drei Abschnitte auf.

3.3.1 Abstammungsanalyse auf Basis der Kreuzungselterinformationen

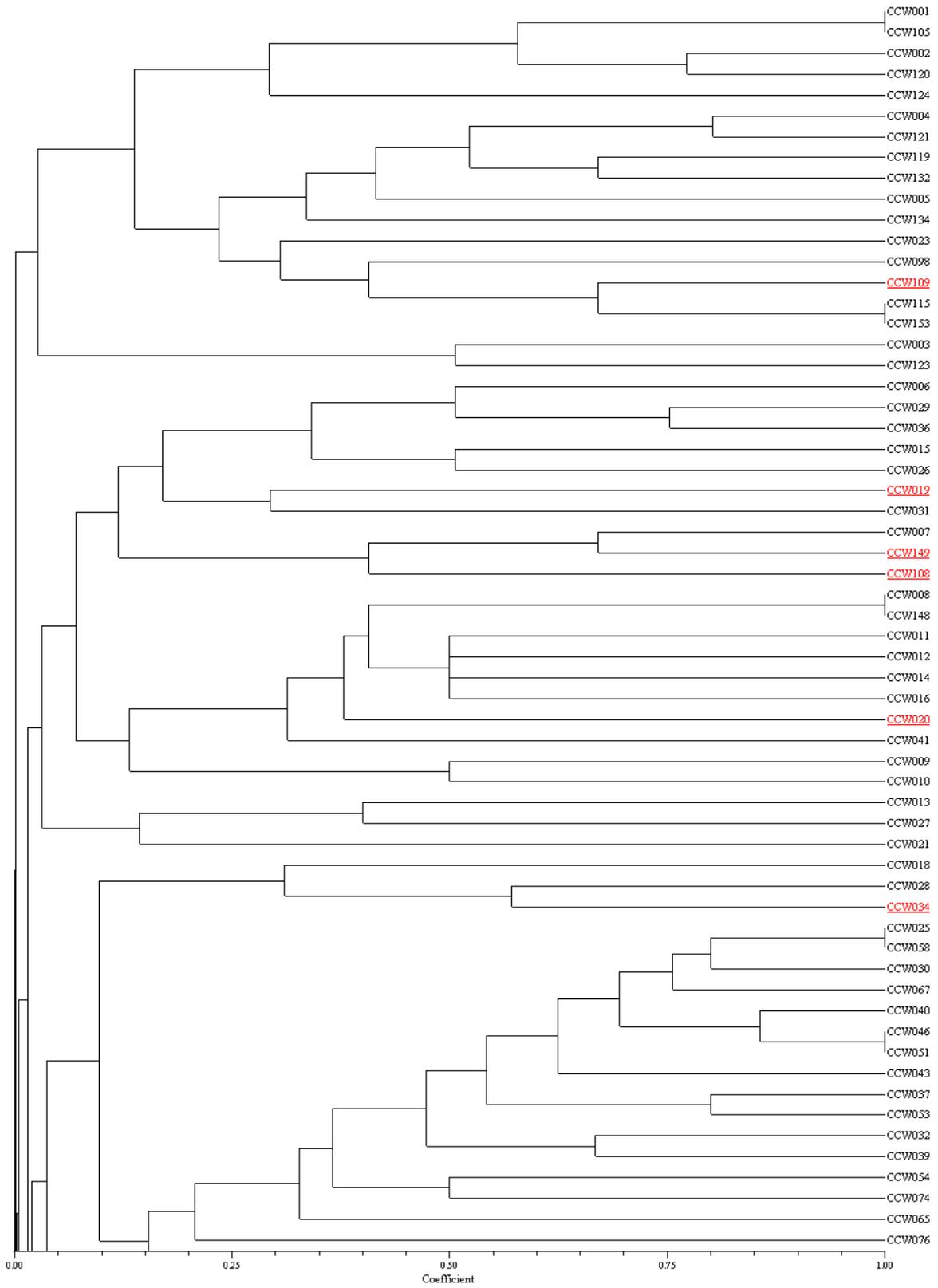
Die Analyse auf Grundlage der Informationen über die Kreuzungseltern ergab bei den Wintergersten ein ähnliches Bild, wie bei den Sommergersten, obwohl hier für deutlich mehr Muster Informationen vorlagen. Es konnten Informationen von 109 der 153 Wintergerstenmuster ermittelt werden, was einem Anteil von 71,24 % entspricht. Obwohl der Anteil der bekannten Muster deutlich größer ist, als bei den Sommergersten, ist es auch für die Wintergersten nicht möglich, eine Empfehlung für eine Core-Collection nur auf Basis der Daten über die Abstammung vorzuschlagen.

Zu sehen ist aber auch an diesem Dendrogramm, dass einige Sorten auf dieselben Kreuzungseltern zurückgehen und somit, abgesehen von Selektionsereignissen, dieselbe genetische Basis besitzen (Tabelle 3.3).

Tabelle 3.3: Muster die auf Basis der Informationen über die Kreuzungseltern als identisch angesehen werden müssen (Sorten mit denselben Kreuzungseltern sind zusammengefasst).

Interne Nummer	Sortenname	Züchter	Jahr
CCW001	Mädru	Eckendorf	1959
CCW105	Perga	Heine Peragis	1960
CCW115	Schladener I	Breustedt	1942
CCW153	Engelens II	Engelen	1947
CCW025	Augusta	Heidenreich	1978
CCW058	Gudula	Hauptsaaen	1985
CCW046	Ermo	v. Lochow	1981
CCW051	Ginso	v. Lochow	1982

Betrachtet man diese Muster nun in dem Dendrogramm, dass auf den SSR-Markern basiert, wird deutlich, dass sich die Muster genetischer Ebene doch deutlich unterscheiden und sich bis auf die Muster CCW001/CCW105 in verschiedene Cluster einsortieren. Auffällig ist auch, dass bis auf die Muster CCW046/CCW051 die anderen kreuzungstechnisch sehr ähnlichen Muster zwar aus einem sehr nahen Zeitraum stammen, aber auf verschiedene Züchter zurückgehen.



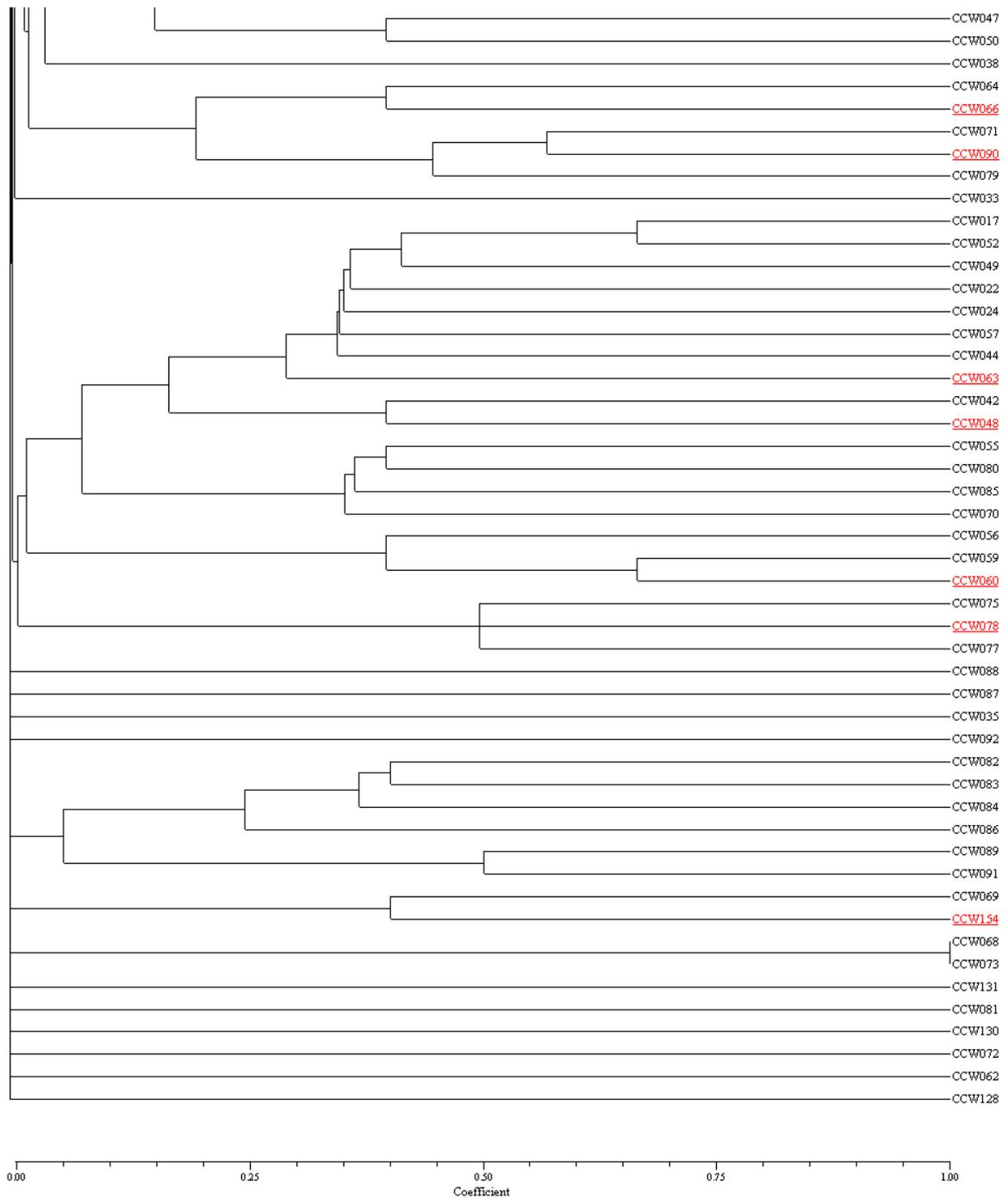
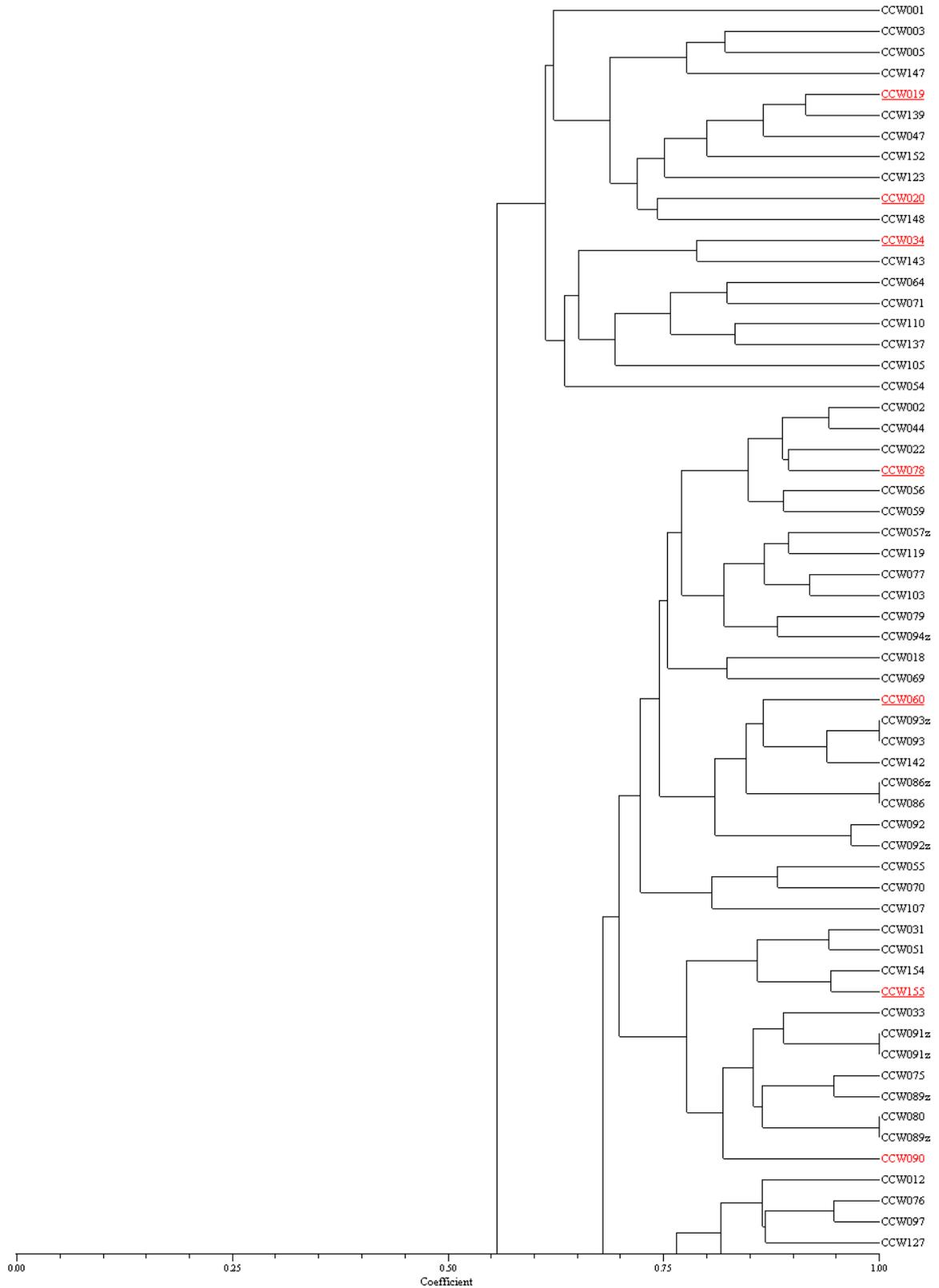
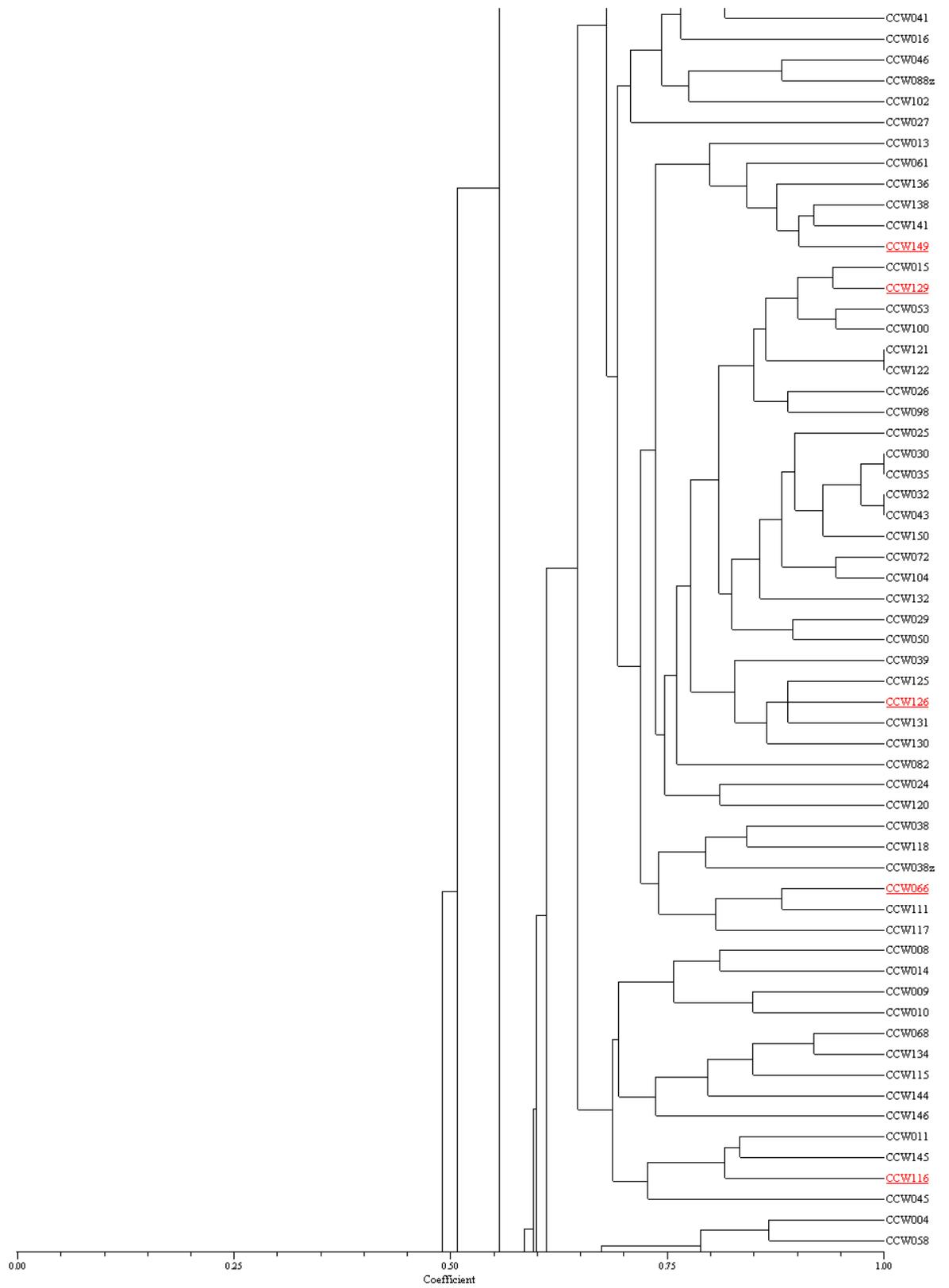


Abbildung 3.4: Dendrogramm der Ähnlichkeitsbeziehungen zwischen 109 der evaluierten Wintergerstenmustern, erstellt nach dem „average-linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i. Die genetischen Ähnlichkeitskoeffizienten wurden auf Basis der Kreuzungseltern ermittelt. Die Muster der Core-Collection sind gekennzeichnet (**rot**).

3.3.2 Abstammungsanalyse auf Basis der SSR-Markeranalyse

Neben der Abstammungsanalyse auf Basis der Kreuzungselterinformationen wurde auch bei der Wintergerste eine Analyse auf Basis von SSR-Markern durchgeführt.





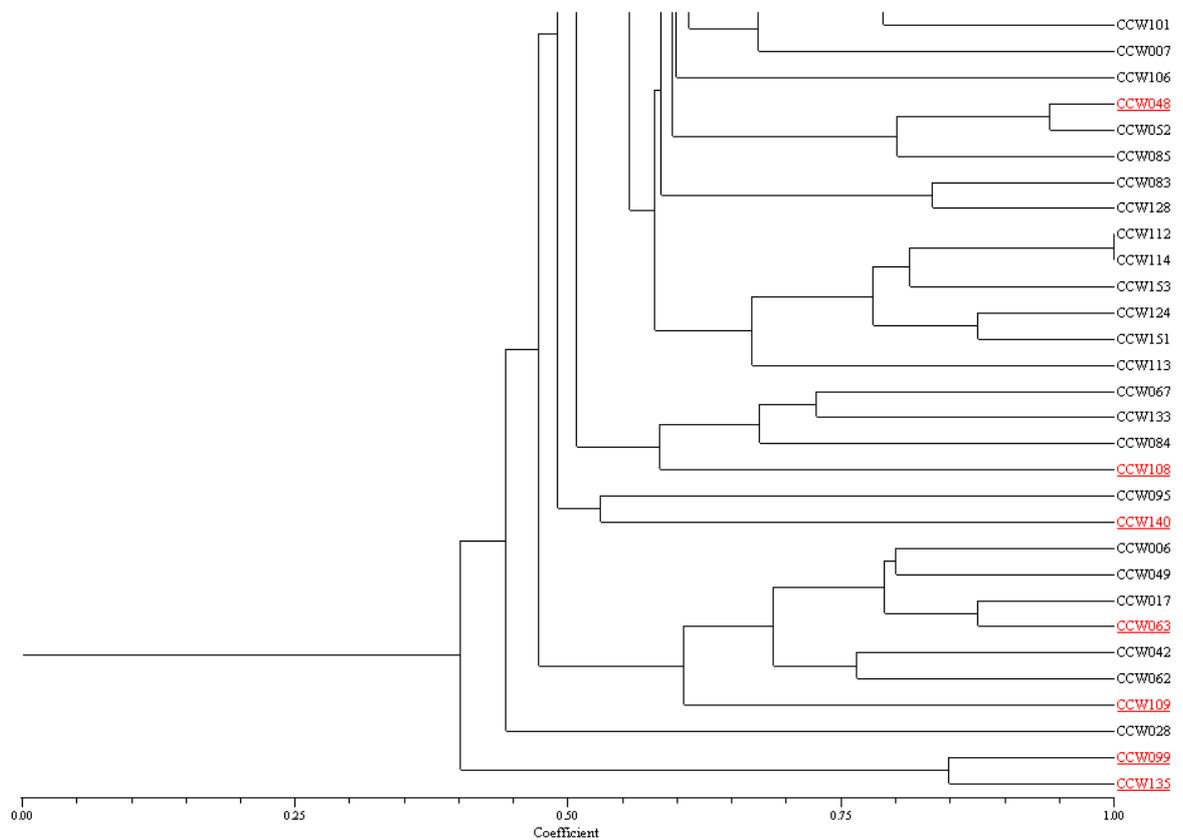


Abbildung 3.5: Dendrogramm der Ähnlichkeitsbeziehungen zwischen den 153 evaluierten Wintergerstenmustern, erstellt nach dem „average-linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i. Die genetischen Ähnlichkeitskoeffizienten wurden auf Basis der SSR-Markeranalyse ermittelt. Die Muster der Core-Collection sind gekennzeichnet (rot).

Wie bei den Sommergersten ist auch hier ein deutlicher Unterschied im Clustering zu erkennen, was auf den deutlich höheren Informationsgehalt der SSR-Markeranalyse zurückzuführen ist. Um auch hier die Auswahl der Muster für eine Core-Collection mit Hilfe eines zweiten Verfahrens absichern zu können, wurde ebenfalls eine Hauptkoordinatenanalyse durchgeführt. Die Muster, die aus dem Vergleich des Dendrogrammes mit der PCoA hervorgegangen sind und so die Muster der Core-Collection bilden sind im Dendrogramm hervorgehoben (rot-unterstrichen).

3.3.3 Hauptkoordinatenanalyse (Principal coordinate analysis, PCoA) Wintergerste

Abschließend wurde, wie bei den Sommergerstenmustern eine Hauptkoordinatenanalyse durchgeführt. Abbildung 3.6 zeigt die Verteilung der Wintergerstenmuster in der zweidimensionalen Hauptkoordinatenanalyse. Man erkennt hier eine deutliche Konzentration der Muster in den Quadranten IX, XIV, XV und XVI, während in dem Quadranten I kein Muster zu finden ist. Für die Auswahl der Muster der Core-Collection wurde die PCoA systematisch in 16 Untergruppen unterteilt und auch hier wurde aus jeder Untergruppe stellvertretend für die gesamte Variation, das Muster ausgewählt, das am nächsten am Mittelpunkt der Untergruppe liegt.

Zusätzlich wurden auch, wie bei der Sommergerste, die Muster ausgewählt, die auf den Extrema der beiden Dimensionen zu liegen kommen (CCW099 in Quadrant III; CCW020 in Quadrant IX; CCW060 in Quadrant XII und CCW129 in Quadrant XV). Die ausgewählten Muster sind in der PCA rot markiert (bei schwarz/weiß Abbildung durch einen ausgefüllten Kreis!).

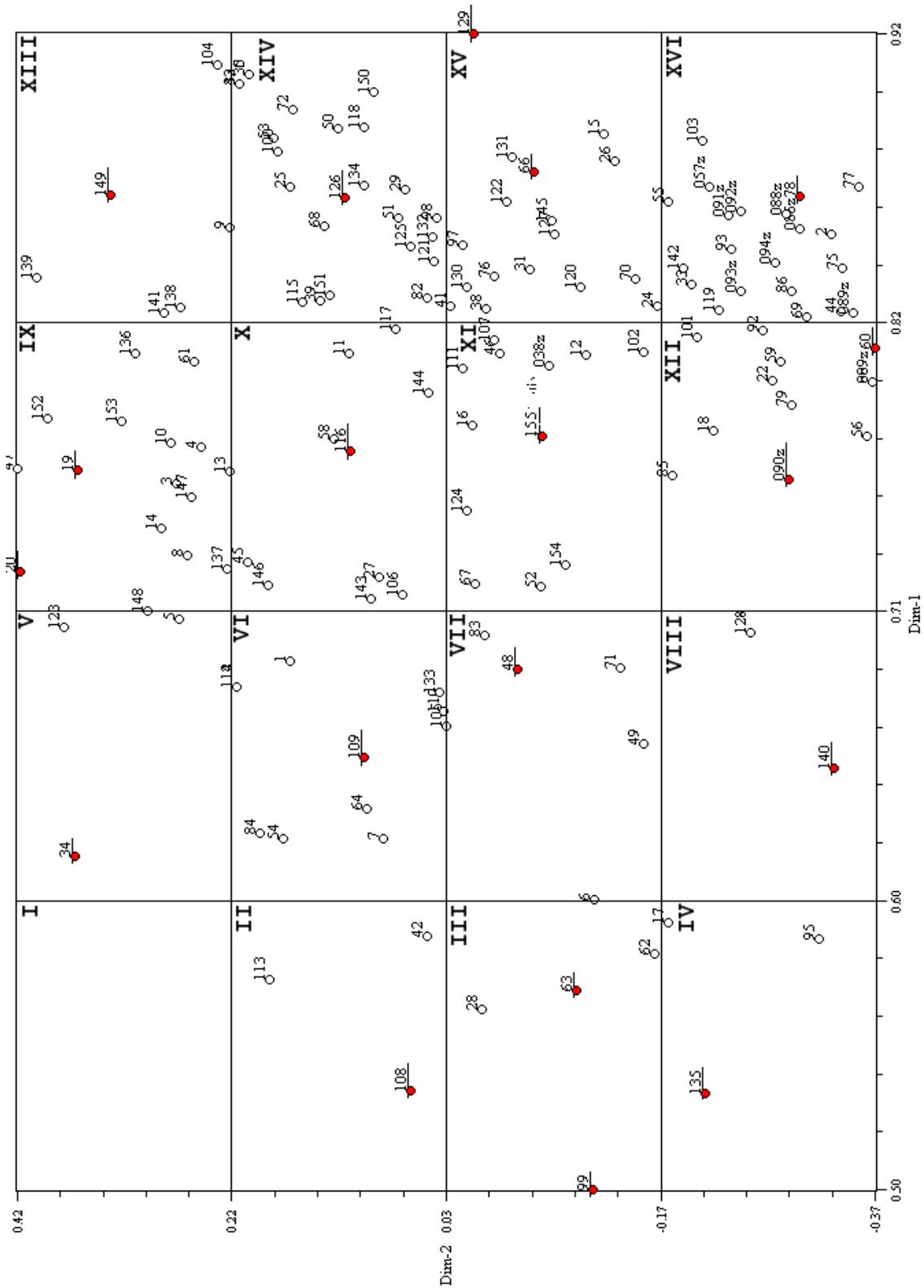


Abbildung 3.6: Zweidimensionale Hauptkoordinatenanalyse der Wintergerstenmuster auf Basis der SSR-Markerdaten. Die Muster der Core-Collection sind **rot** gekennzeichnet.

3.4 Die Muster der Wintergersten Core-Collection

Aus den Ergebnissen der verschiedenen Verfahren resultieren 19 Wintergerstenmuster (Tabelle 3.4), welche die Variabilität der gesamten Wintergerstenmuster bestmöglich auf sich vereinen, und somit für eine Aufnahme in die Core-Collection ausgewählt wurden. Neben einer, soweit bekannt, über die Jahre gleichmäßig verteilten Auswahl an Mustern konnten auch wieder verschiedene andere Merkmale, wie z.B. die Zeiligkeit (sechs- und zweizeilig), aber auch der Korntyp (bespelzt/unbespelzt) abgedeckt werden.

Tabelle 3.4: Liste der 19, auf Basis der Abstammungs- und Hauptkoordinatenanalyse ausgewählten Wintergerstenmuster, die für die Core-Collection vorgeschlagen werden.

Quadrant PCA	Interne Bezeichnung	Sortenname	Typ	Jahr (Zulassung)
I	---	---	---	---
II	CCW108	Vulcan	W6	1968
III	CCW063	Pamir	W2	1986
III	CCW099	Engelens 6zlg.	W6	unbekannt
IV	CCW135	Erfurt	W6	unbekannt
V	CCW034	Mammut	W6	1978
VI	CCW109	Carstens 2zlg.	W2	1924
VII	CCW048	Viola	W2	1981
VIII	CCW140	Eckendorfer Mammut	W6	unbekannt
IX	CCW019	Barbo	W6	1974
IX	CCW020	Bollo	W6	1972
X	CCW116	Hord. Hex. Giganteum	W6	unbekannt
XI	CCW155	Carola	W6	1998
XII	CCW090	Nelly	W6	1998
XII	CCW060	Harmonika	W2	1985
XIII	CCW149	Senta	W6	1963
XIV	CCW126	Eiszapfen	W6	unbekannt
XV	CCW066	Banjo	W6	1986
XV	CCW129	Auslese aus Vogelsanger Gold	W6	unbekannt
XVI	CCW078	Express	W6	1990

3.5 Die Gersten Core-Collection für Nordrhein Westfalen (CC-NRW)

Die Core-Collection NRW umfasst somit 40 Muster. Bei einer Ausgangsgröße von 305 Mustern entspricht das eine Größe von 13,11%, was dem nötigen und geforderten Umfang einer Core-Collection entspricht (Brown, 1989a; Brown, 1989b). Zur Illustration der genetischen Variation innerhalb der Muster der Core-Collection, wurden diese erneut einer Abstammungs- und einer Hauptkoordinatenanalyse unterzogen. Das Ergebnis der Hauptkoordinatenanalyse für die CC-NRW ist in Abbildung 3.7 dargestellt.

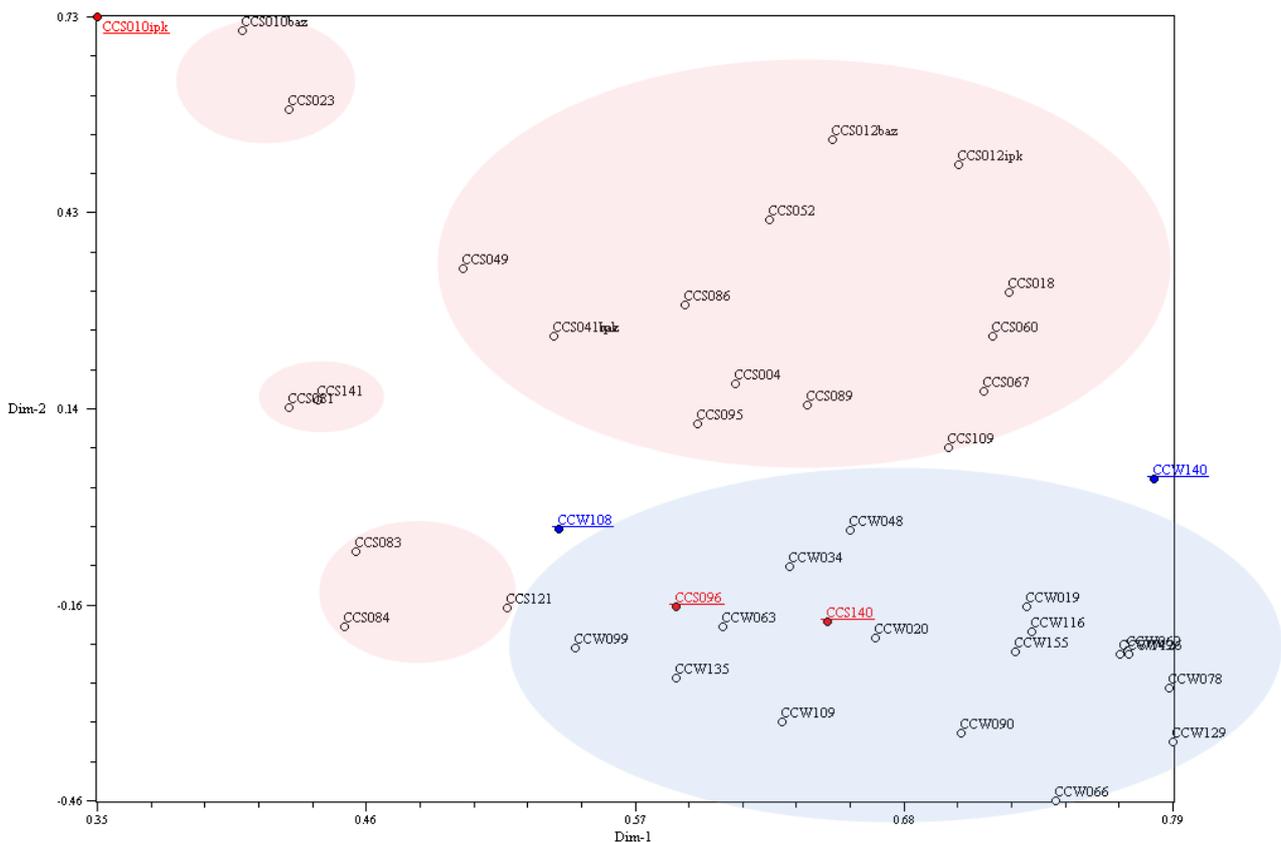


Abbildung 3.7: Hauptkoordinatenanalyse der 40 Gerstenmuster der Core-Collection NRW. Es ist eine deutliche Clusterung der Sommergersten (rot) und der Wintergersten (blau) der Core-Collection zu erkennen.

Es ist deutlich zu erkennen, dass die Muster der Wintergersten ein mehr oder weniger einheitliches Cluster bilden, während die Muster der Sommergersten in mehrere Cluster aufspalten. Man kann sagen, dass die genetische Variabilität in den Sommergersten höher ist, als in den Wintergersten. Des Weiteren ist zu beobachten, dass zwei Sommergersten (CCS140 und CCS096) innerhalb des Wintergerstenclusters gruppieren und sich zwei Wintergersten von den übrigen abspalten.

3.6 Modifikationsmöglichkeiten der Gersten Core-Collection für NRW

Es muss abschließend darauf hingewiesen werden, dass es sich bei der Auswahl der Muster für die Core-Collection nur um einen Vorschlag handelt, der aufgrund der gestellten Aufgabe gemacht wurde. Bei einer genaueren Betrachtung der Liste der Muster, die letzten Endes für die Aufnahme in die Core-Collection vorgeschlagen wurden, fällt auf, dass sich unter diesen auch noch aktuelle Sorten befinden.

Hier ist es natürlich nicht notwendig, diese im Rahmen einer Flächenförderung zu berücksichtigen. Alternativ zu den aktuellen Sorten können auch andere Sorten aus den jeweiligen Quadranten (Abbildung 3.3 und Abbildung 3.6) ausgewählt werden, die aber, wenn man das Ziel der Erhöhung der genetischen Diversität im Anbau betrachtet, nicht mehr zu einer weiteren Erhöhung beitragen würden, da sich bereits Stellvertreter für diese im Anbau befinden. Somit wird vorgeschlagen, dass nur die Muster, die nicht mehr einem aktuellen Sortenschutz unterliegen eine Flächenförderung erfahren und die „Sorte“, für die noch ein Sortenschutz besteht, nicht in eine Flächenförderung aufgenommen werden. Sollten diese Sorten aus dem Sortenschutz herausfallen ist natürlich hier eine Aufnahme in die Flächenförderung zu empfehlen.

4. Diskussion

Im Rahmen der vorliegenden Arbeit konnten verschiedene Verfahren der Datenevaluation auf ihre Anwendbarkeit hinsichtlich der Erstellung einer Gersten Core-Collection für das Bundesland Nordrhein Westfalen untersucht und bewertet werden. Es wurde deutlich, dass aufgrund der unzureichenden Datengrundlage über die Abstammungsinformationen der verschiedenen Gerstenmuster, die Erstellung einer Core-Collection nicht möglich ist.

Aufgrund der Kombination der SSR-Markeranalyse und der Hauptkoordinatenanalyse war es möglich, eine Empfehlung für die Gersten Core-Collection zu geben, die auf der einen Seite die genetische Variabilität der Ausgangssammlung möglichst umfassend wiedergibt, gleichzeitig aber auch die phänotypische Varianz, die in den Mustern vorlag ausreichend abbildet.

Gerade die phänotypische Varianz der Gersten Core-Collection wird neben der Erhaltung der „unsichtbaren“ genetischen Diversität eine positive Auswirkung auf die Diversität im Anbau und im Landschaftsbild mit sich bringen.

Weiterhin ist es möglich, die Muster der Core-Collection z.B. bei ungleicher Verfügbarkeit oder aufgrund anderer Ziele (z.B. Zulassungsjahr, etc.) zu variieren. Bei einem Austausch eines Musters ist aber stets zu beachten, dass der Austausch nur innerhalb einer PCoA – Untergruppe und auch erst nach Kontrolle durch die SSR-Marker Clusteranalyse und des Verwandtschaftscluster erfolgen sollte.

5. Literaturverzeichnis

- Åberg E. (1940) The taxonomy and phylogeny of *Hordeum* L. sect. *Cerealia* Ands. With special reference to Thibetan barleys. *Symbolae Bot. Upsaliensis*, 4: 1-1156.
- Aufhammer G. (2000) Abstammung der Gerstensorten. Bayerische Landesanstalt für Bodenkultur und Pflanzenbau.
- Bataillon T. (1994): Comparaison de diverses stratégies d'échantillonnage pour la constitution de core collections de ressources génétiques végétales. (études par simulation informatique). Mémoire de DEA, Institut National Agronomique. Paris.
- Becker J. and Heun M. (1995) Barley microsatellites: allelic variation and mapping. *Plant Mol. Biol.* 27: 835-845.
- Bell G.D.H. (1965) The comparative phylogeny of the temperate cereals. In: J.B. Hutchinson (ed.), *Essays on Crop Plant Evolution*. Cambridge University Press, pp. 70-101
- Bendeck E., Meckis G.E. und Pinter G. (1987) Modified fluorimetric flow-injection-analysis (FIA) method for the determination of (1-3)(1-4)- β -D-glucan. *J. Ins. Brew.*, 93: 396-398.
- Binder A. (2002) Lokalisation von Genen für die Vererbung des (1-3) (1-4) – β – D – Glukangehaltes bei Gerste. Schriftenreihe des Institutes für Pflanzenbau, Band 1.
- Brown A.H.D. (1989a): The case of core collections. In: Brown A.H.D., Frankel O.H., Marshall D.R., Williams J.T. (eds.) *The use of plant genetic resources*. Cambridge University Press. Cambridge. 135-156.
- Brown A.H.D. (1989b): Core collections: a practical approach to genetic resources management. *Genome*, 31:818-824.
- Cordeiro et al. (1995): Towards a Brazilian core collection of cassava. In: Hodgkin T., Brown A.D.H., van Hintum T.J.L., Morales E.A.V. (eds.): *Core collections of plant genetic resources*. John Wiley and Sons. Chichester, UK. 155-168.
- Davila J.A., de la Hoz M.P.S., Loarce Y. and Ferrer E. (1998) The use of random amplified microsatellite polymorphic DNA and coefficients of parentage to determine genetic relationship in barley. *Genome* 41: 477-486.
- Diamond J. (1998) *Guns, germs and steel*. Vintage, London.
- Diwan N., McIntosh M.S., Bauchan G.R. (1995): Methods of developing a core collection of annual *Medicago* species. *Theor. Appl. Genet.* 90:755-761.
- Dunn, G. and B. S. Everitt. (1982). *An introduction to mathematical taxonomy*. Cambridge. New York. 152 pp.
- Ellis R.P., McNicol J.W., Baird E., Booth A., Lawrence P., Thomas B. and Powell W. (1997) The use of AFLPs to examine genetic relatedness in barley. *Mol. Breed.* 3: 359-369.
- FAO (1993): *Data from the FAO world information and early warning system on plant genetic resources*. FAO, Rome.

- Fischbeck G. (1991) The evolution of cereal crop. In: Firbank L.G., Carter N., Darbyshire J.F., Potts G.R. (eds.) The ecology of temperate cereal fields. The 32nd Symposium of the British Ecological Society with the association of Applied Biologist. University of Cambridge: 31-54.
- Fischbeck G. (1992) Barley cultivar development in Europe – success in the past and possible changes in future. In: Barley Genetics VI(II). Munksgaard, Copenhagen, pp. 885-901.
- Foldagar L. und Jorgensen K.G. (1984) The molecular weight distribution of beta-glucan in wort from malts of different barley varieties at different stages of malting. Carlsberg Res. Commun., 49: 525-534.
- Frankel O.H. und Bennet E. (1970) Genetic resources in plants – Their exploration and conservation. Blackwell, Oxford.
- Galwey N.W. (1995): Verifying and validating the representativeness of a core collection. In: Hodgkin T., Brown A.D.H., van Hintum T.J.L., Morales E.A.V. (eds.): Core collections of plant genetic resources. John Wiley and Sons. Chichester, UK. 187-198.
- Geisler G. (1980) Pflanzenbau: Ein Lehrbuch – Biologische Grundlagen und Technik der Pflanzenproduktion. Paul Parey, Berlin, Hamburg.
- Graner A., Ludwig W.F. and Melchinger A.E. (1994) Relationships among European barley germplasm. 2. Comparison of RFLP and pedigree data. Crop Sci. 34: 1199-1205.
- Harlan J.R. (1992) Crops and Man. American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin 2nd ed.
- Harlan J.R. und de Wet J.M.J. (1971) Toward a rational classification of cultivated plants. Taxon 20: 509-517.
- Hintum T.J.L. van, von Bothmer R., Visser D.L. (1995): Sampling strategies for composing a core collection of cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.) collected in China. Hereditas 122:7-17.
- Igartua E. et al. (1998): The Spanish barley core collection. Genet. Resour. Crop Evol. 45:475-481.
- Jorgensen K.G. (1988) Quantification of high molecular weight (1-3)(1-4)- β -D-glucan using calcofluor complex formation and flow injection analysis. I. Analytical principle and its standardization. Carlsberg Res. Commun., 53: 277-285.
- Jorgensen K.G., Jensen S.A., Hartlev P. und Munck L. (1985) The analysis of β -glucan in wort and beer using calcofluor, EBC Proceed, Helsinki, 403-410.
- Ladizinsky G. (1999) Plant Evolution under Domestication. Kluwer Acad. Publishers. Dordrecht.
- Liu Z.W., Biyashev R.M. und Saghai-Marooof M.A. (1996) Development of simple sequence repeat DNA markers and their integration into a barley linkage map. Theor. Appl. Genet., 93: 869-876.
- Lundqvist U., Franckowiak J.D. und Konishi T. (1996) New and revised descriptions of barley genes. Barley Genet. Newsl. 26: 22-516.
- Madacski J.P., Parrish F.W. und Roberts E.J. (1983) Nonenzymic method for determination of beta-glucan in the presence of starch. J. Am. Soc. Brew. Chem., 41: 161-162.
- McCleary B.V. und Codd R. (1991) Measurement of (1-3)(1-4)- β -D-glucan in barley and oats: A streamlined enzymic procedure. J. Sci. Food. Agric., 55: 303-312.
- McCleary B.V. und Glennie-Holmes M. (1985) Enzymatic quantification of (1-3)(1-4)- β -D-glucan in barley and malt. J. Inst. Brew., 91: 285-295.

- Melchinger A.E., Graner A., Singh M. and Messmer M.M. (1994) Relationships between European barley germplasm. 1. Genetic diversity among winter and spring cultivars revealed by RFLPs. *Crop Sci.* 34: 1191-1199.
- Nei M. and Li W.H. (1979): Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 76:5369-5373.
- Parzies H.K., Spoor W., Ennos R.A. (2000) Genetic erosion of barley landrace accessions (*H. vulgare* ssp. *vulgare*) conserved for different lengths of time in *ex situ* genebanks. *Heredity*.
- Pickering R.A. (1984) The influence of genotype and environment on chromosome elimination in crosses between *Hordeum vulgare* x *Hordeum bulbosum*. *Plant Sci.* 34: 153-164.
- Pillen K., Binder A., Kreuzkam B., Ramsey L., Waugh R., Förster J. und Leon J. (2000) Mapping EMBL-derived microsatellites and their use in differentiating German barley cultivars. *Theo. Appl. Genet.*, 101: 652-660.
- Powell W., Machray G. and Provan J. (1996) Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends Plant Sci.* 1: 215-222.
- Rafalski A., Vogel M.J., Morgante M., Andre C. and Tingey S.V. (1996) Generating and using DNA markers in plants. In: Birren B. and Lai E. (eds.): *Non-Mammalian Genome Analysis: A Practical Guide*. Academic Press, London, pp. 75-134.
- Ramsey L., Macaulay M., degli Ivanissevich S., MacLean K., Cardle L., Fuller J., Edwards K.J., Tuveesson S., Morgante M., Massari A., Maestri E., Marmioli N., Sjakste T., Ganal M., Powell W., Waugh R. (2000) A simple sequence repeat-based linkage map of barley. *Genetics* 156: 1997-2005.
- Russel J.R., Fuller J.D., Macaulay M., Hatz B.G., Jahoor A., Powell W. and Waugh R. (1997a) Direct comparison of levels of genetic variation among barley accessions detected by RFLPs, AFLPs., SSR and RAPDs. *Theor. Appl. Genet.* 95: 714-722
- Russel J., Fuller J., Young G., Thomas B., Taramino G., Macaulay M., Waugh R. and Powell W. (1997b) Discriminating between barley genotypes using microsatellite markers. *Genome* 40: 442-450.
- Russel J.R., Ellis R.P., Thomas W.T.B., Waugh R., Provan J., Booth A., Fuller J., Lawrence P., Young G., Powell W. (2000) A retrospective analysis of spring barley germplasm development from 'foundation genotypes' to currently successful cultivars. *Molecular Breeding.* 6: 553-568.
- Saghai-Marooif M.A., Soliman K.M., Jorgensen R.A. und Allard R.W. (1984) Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics in barley. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 81: 8014-8018.
- Saghai-Marooif M.A., Biyashev R.M., Yang G.P., Zhang Q. and Allard R.W. (1994) Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: species diversity, chromosomal locations and population dynamics. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 91: 5466-5470.
- Schut J.W., Qi X. and Stam P. (1997) Association between relationship measures based on AFLP markers, pedigree data and morphological traits in barley. *Theor. Appl. Genet.* 95: 1161-1168.
- Sneath, P. H. A. and R. R. Sokal. (1973). *Numerical Taxonomy*. Freeman. San Francisco. 573 pp.
- Smith B.D. (1995) *The emergence of agriculture*. Scientific American Library. New York.

- Spagnoletti-Zeuli P.L. and Qualset C.O. (1993): Evaluation of five strategies for obtaining a core subset from large genetic resource collection of durum wheat. *Theor. Appl. Genet.* 87:295-304.
- Struss D. and Plieske J. (1998) The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations. *Theor. Appl. Genet.* 97: 308-315.
- Thiel T., Michalek W., Varshney R.K., Graner A. (2003) Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* 106: 411-422
- Waugh R., Bonar N., Baird E., Thomas B., Graner A., Hayes P. und Powell W. (1997) Homology of AFLP products in three mapping populations of barley. *Mol. Gen. Genet.*, 255: 311-321.
- Williams E.K. und Talbot M. (1993) Alpha+ experimental designs for variety trails. CSIRO, Canberra and BioSS, Edinburgh.
- Wood P.J. (1980) The interaction of direct dyes with water soluble substituted celluloses and cereal β -glucan. *Ind. Eng. Chem. Prod. Dev.*, 19: 19-23.
- Wood P.J. (1982) Factors affecting precipitation and spectral changes associated with complex formation between dyes and β -D-glucans. *Carbohydr. Res.*, 102: 283-293.
- Wood P.J. und Fulcher R.G. (1978) Interaction of some dyes with cereal beta-glucans. *Cereal Chem.*, 55: 952-966.
- Zohary D. und Hopf M. (1993) Domestication of plants in the old world. The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley. Clarendon Press, Oxford, England.

6. Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1.1: Schematische Darstellung des Genpooles der Kulturgerste (<i>Hordeum vulgare</i>) nach Harlan und de Wet (1971).	2
Abbildung 1.2: Der fruchtbare Halbmond und die Verbreitungsgebiete von Gersten - Wildarten im vorderasiatischen Raum. Das Areal des Verbreitungsgebietes ist dunkel hervorgehoben (Geisler, 1980).	3
Abbildung 1.3: Genetic „bottleneck“ (Parzies et al., 2000). Genetische Diversität geht bei jedem Verjüngungszyklus verloren. Durch <i>in situ</i> Erhaltung kann dieser Verlust auf ein Minimum reduziert werden.	6
Abbildung 2.1: Ausschnitt aus der „Saatgutvermehrungsflächen im Bundesgebiet“ aus der „beschreibenden Bundessortenliste“ des Bundessortenamtes Hannover aus dem Jahr 1989 (Seite 143).	13
Abbildung 2.2: Chemische Struktur von Calcofluor (Wood und Fulcher, 1978).....	18
Abbildung 2.3: Schematische Darstellung des Tecator β -Glukan 5700 Analyser.....	20
Abbildung 2.4: Schematischer Aufbau des Gesamtstickstoff/-kohlenstoff-Analyser der Firma Carlo Erba.....	21
Abbildung 2.5: Kartierung der SSR-Marker auf der modifizierten Kopplungskarte <i>Lina x H. vulgare ssp. spontaneum</i> (Canada Park Population) nach Ramsey et al. (2000). Die im Rahmen der vorliegenden Arbeit evaluierten SSR-Marker auf den 7 Gerstenchromosomen sind durch Unterstreichung kenntlich gemacht worden. Auf den Achsen ist die jeweilige Distanz in cM (Zentimorgan) dargestellt.....	26
Abbildung 2.6: Bandenmuster nach der gelelektrophoretischen Auftrennung des SSR-Markers MGB 217 (Chr. 4 H).....	30
Abbildung 2.7: Screenshot der NTSYSpc Version 2.02i Software zur Berechnung der genetischen Ähnlichkeit (GS) zwischen den verwendeten Gerstenmuster.	32
Abbildung 2.8: Screenshot der SAHN-Methode aus NTSYSpc Version 2.02i.....	32
Abbildung 3.1: Dendrogramm der Ähnlichkeitsbeziehungen zwischen 82 der 152 evaluierten Sommergerstenmustern, erstellt nach dem „average-linkage“ Verfahren mit Hilfe der Software NTSYSpc Vers.2.02i. Die genetischen Ähnlichkeitskoeffizienten (Coefficient) wurden auf Basis der jeweiligen Kreuzungseltern ermittelt. Die Muster der Core-Collection sind gekennzeichnet (rot).	36
Abbildung 3.2: Dendrogramm der Ähnlichkeitsbeziehungen zwischen 174 (teilweise Doppelbestimmung, durch Genbankmaterial aus dem IPK und dem BAZ) den 152 evaluierten Sommergerstenmustern, erstellt nach dem „average-linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i. Die genetischen Ähnlichkeitskoeffizienten wurden auf Basis der SSR-Markeranalyse ermittelt. Die Muster der Core-Collection sind gekennzeichnet (rot).	40
Abbildung 3.3: Zweidimensionale Hauptkoordinatenanalyse der Sommergerstenmuster auf Basis der Markerdaten.....	42
Abbildung 3.4: Dendrogramm der Ähnlichkeitsbeziehungen zwischen 109 der evaluierten Wintergerstenmustern, erstellt nach dem „average-linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i. Die genetischen Ähnlichkeitskoeffizienten wurden auf Basis der Kreuzungseltern ermittelt. Die Muster der Core-Collection sind gekennzeichnet (rot).	46

- Abbildung 3.5: Dendrogramm der Ähnlichkeitsbeziehungen zwischen den 153 evaluierten Wintergerstenmustern, erstellt nach dem „average-linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i. Die genetischen Ähnlichkeitskoeffizienten wurden auf Basis der SSR-Markeranalyse ermittelt. Die Muster der Core-Collection sind gekennzeichnet (rot). 49
- Abbildung 3.6: Zweidimensionale Hauptkoordinatenanalyse der Wintergerstenmuster auf Basis der SSR-Markerdaten. Die Muster der Core-Collection sind rot gekennzeichnet..... 51
- Abbildung 3.7: Hauptkoordinatenanalyse der 40 Gerstenmuster der Core-Collection NRW. Es ist eine deutliche Clusterung der Sommergersten (rot) und der Wintergersten (blau) der Core-Collection zu erkennen. 53

7. Tabellenverzeichnis

Tabelle 1.1: Systematik von <i>Hordeum vulgare</i> (Gerste)	1
Tabelle 1.2: Einteilung genetischer Ressourcen nach Frankel und Bennet (1970, modifiziert).....	7
Tabelle 2.1: Jahresniederschlagsmengen und mittlere Jahrestemperaturen für das Versuchsgut Dikopshof in den Jahren 2001 – 2003.	14
Tabelle 2.2: Saattechniken der Versuchsjahre 2001 – 2003	15
Tabelle 2.3: Düngemaßnahmen der Versuche	15
Tabelle 2.4: Art und Menge der angewandten Pflanzenschutzmittel in den Wiederholungen 1 und 2.16	
Tabelle 2.5 Sä- und Erntetermine.	17
Tabelle 2.6: Evaluierte Merkmale, mit Abkürzungen und Maßeinheit.	17
Tabelle 2.7: Liste der untersuchten SSR-Marker, die zur Erstellung der Abstammungsanalyse verwendet wurden.....	24
Tabelle 2.8: Programmparameter zur Durchführung einer 'touch-down' PCR im Thermocycler (Biometra).....	27
Tabelle 2.9: standardisiertes Auftragsmuster für Silbergele	30
Tabelle 3.1: Muster die auf Basis der Informationen über die Kreuzungseltern als identisch angesehen werden müssen.	37
Tabelle 3.2: Liste der, auf Basis der Abstammungs- und Hauptkoordinatenanalyse ausgewählten Sommergerstenmuster, die für die Core-Collection vorgeschlagen werden.	43
Tabelle 3.3: Muster die auf Basis der Informationen über die Kreuzungseltern als identisch angesehen werden müssen (Sorten mit denselben Kreuzungseltern sind zusammengefasst).44	
Tabelle 3.4: Liste der 19, auf Basis der Abstammungs- und Hauptkoordinatenanalyse ausgewählten Wintergerstenmuster, die für die Core-Collection vorgeschlagen werden.....	52

8. Abkürzungsverzeichnis

Abkürzung	Bedeutung	Erläuterung oder deutsche Übersetzung
A	Österreich	
AA, Aa, aa	Genotypen an einem Markerlocus in einer BC ₂ F ₂ -Population	„A“ bezeichnet das Kulturallel und „a“ das Wildallel in der Population
Af	<i>Ausgangsform</i>	
AFLP	„ <i>Amplified fragment length polymorphism</i> “	PCR-amplifizierter Fragmentlängenpolymorphismus (DNA-Marker)
	„ <i>Analysis of variance</i> “	Varianzanalyse
BAC	„ <i>Bacterial artificial chromosome</i> “	Künstliches Bakterienchromosom
BC _i	„ <i>i-th backcross</i> “	i-te Rückkreuzung
bp	„ <i>Base pairs</i> “	Basenpaare
cDNA	„ <i>Complementary DNA</i> “	Komplementäre DNA
cM	Centi Morgan	Maßeinheit der genetischen Distanz
CZ		Tschechien
D	<i>Germany</i>	Deutschland
Da	<i>Dalton</i>	Maßeinheit für Proteingrößen
DH	„ <i>Doubled haploid</i> “	Doppelhaploide (homozygot diploide) Linie
DK		Dänemark
DNA	„ <i>Deoxyribonucleic acid</i> “	Desoxyribonukleinsäure
EDTA		Ethylendiamintetraessigsäure
F	<i>France</i>	Frankreich
GB	<i>Great Britain</i>	England
GS	„ <i>Genetic similarity</i> “	Genetische Ähnlichkeit zwischen zwei Linien
<i>Hsp</i>	<i>Hordeum vulgare ssp spontaneum</i>	Wildformgerste
<i>Hv</i>	<i>Hordeum vulgare ssp vulgare</i>	Kulturgerste
I	<i>Italy</i>	Italien
kb	„ <i>Kilobase pairs</i> “	Kilobasenpaare
L		Luxemburg
MAS	„ <i>Marker assisted selection</i> “	DNA-Marker-gestützte Selektion
mRNA	„ <i>Messenger RNA</i> “	Boten-RNA
NL		Niederlande
PCoA	„ <i>Principle coordinate analysis</i> “	Hauptkoordinatenanalyse
PCR	„ <i>Polymerase chain reaction</i> “	Polymerasekettenreaktion
RAPD	„ <i>Random amplified polymorphic DNA</i> “	Zufällig amplifizierte polymorphe DNA (DNA-Marker)
RFLP	„ <i>Restriction fragment length polymorphism</i> “	Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus (DNA-Marker)
RNA	„ <i>Ribonucleic acid</i> “	Ribonukleinsäure
S	<i>Schweden</i>	
STS	„ <i>Sequence tagged site</i> “	DNA-sequenzdefinierte Stelle (DNA-Marker)

9. Anhang

9.1 Informationen zur Abstammung und Zulassung der Untersuchten Kulturgerstensorten

Nr.	Sortenname	Typ	Abstammung	Zulassung	Land	Züchter
Sommergerste 2zlg.						
CCS001	Breuns Wisa	S2	(Weihest.MRI x Breun IN2511) x Isaria	1951	D	Breun
CCS002	Union	S2	(Weihest.MRII x Donaria) x Fil.621	1951	D	Firlbeck
CCS003	Volla	S2	Wisa x Haisa I	1957	D	Breun
CCS004	Ingrid	S2	Balder x (Binder x Opal)	1959	S	Weibull
CCS005	Amsel	S2	Lyallpur x Maja x Haisa I x Pirol	1960	D	Heine Peragis
CCS006	Gerda	S2	Ack.316 x LBP321/482 x Voldagsen2417 x Herta	1963	D	Lichti
CCS007	Inis	S2	Stamm x Isaria x Weihest.MRII x Voldagsen x Ingrid	1967	D	Ackermann
CCS009	Quantum	S2	Carlsberg II x (Esperance298 x Carlsberg II2)	1969	A	Burgenland
CCS010	Emir	S2	Delta x Agio x Kenia3 x Arabische	1969	NL	Cebeco/v.Lochow
CCS011	Ortolan	S2	(Lyallpur x Maja x Haisa x Pirol) x Heine05532	1968	D	v.Lochow
CCS012	Contra	S2	Union x Carlsberg II	1968	D	Heidenreich
CCS013	Felda	S2	Union x LBP259 x Firlb.4999 x Voldagsen2417 x Rika	1968	D	Schweiger
CCS014	Villa	S2	Volla x Haisa I x Wisa	1968	D	Breun
CCS015	Oriol	S2	Lyallpur x Maja x Haisa x Pirol x Heine05530	1969	D	v.Lochow
CCS016	Hornisse	S2	Amsel x Carlsberg	1970	D	Hege
CCS017	Aspana	S2	Union x Volla	1970	F,GB	Strong
CCS018	Carina	S2	(Union x W16WV) x Volla	1971	D	Ackermann
CCS019	Drossel	S2	Flo.1625/56 x Union x Ingrid	1972	D	v.Lochow
CCS020	Askania	S2	Minerva x Heine4808 x Piroline	1972	D	Nordsaat
CCS021	Multum	S2	Quantum x Union	1973	A	Burgenland
CCS022	Canova	S2	Balder x Strangs Franka x Ammer	1973	D	Heidenreich
CCS023	Aramir	S2	Volla x Emir	1974	NL	Cebeco/v.Lochow
CCS024	Varunda	S2	Vada x Hijkema 1148	1969	NL	IVP Wageningen
CCS025	Claudia	S2	(Abed3371 x Vada) x Stamm	1975	DK	Heidenreich
CCS026	Kiebitz	S2	Flo.1625 x Union x Ingrid	1975	D	v.Lochow
CCS027	Aura	S2	((Wisa x Carlsberg) x Stamm) x Villa	1975	D	Breun
CCS028	Tosca	S2	Emir x Volla x LBP840N x Goldthorpe x Dr. Baentsch Nackt	1975	D	Müller
CCS029	Gitte	S2	Algerien x Herta 8 x Carlsberg II x Var.191	1976	DK	v.Lochow
CCS030	Trumpf	S2	Diamant x 14209/64/6 ((Alsa x S3170/Abyss) x 11719/59) x Union	1973	D	Hadmersleben
CCS031	Plenum	S2	Quantum x Union	1977	A	Burgenland
CCS032	Welam	S2	(Monte Christo x Clara) x W5293 x W5853	1977	S	Weibull
CCS033	Georgie	S2	Vada x Zephyr	1977	GB	Nickerson
CCS034	Irania	S2	Ack.192/23 x Emir x Proskowitzer	1977	D	Ackermann
CCS035	Harry	S2	Arla M x Tellus	1978	S	Weibull
CCS036	Europa	S2	Hassan x Gambrinus	1978	D	Hege
CCS037	Gimpel	S2	Proctor x Carlsberg II x Heine 4808 x Stamm	1979	D	v.Lochow

CCS038	Koral	S2	Hanna x ((Carlsberg II x Union) x Alsa) x Hanacky x J25	1980	CS	v.Lochow
CCS039	Birka	S2	Baladi 16 x (Rika x Tellus) x (Monte Christo x Tellus)	1980	S	Weibull
CCS040	Steina	S2	(Sultan x St.434/62) x (Voldagsen x Carlsberg x Volla)	1980	GB	Breun
CCS041	Kym	S2	Georgie x Hanna	1981	GB	Nickerson
CCS042	Cerise	S2	(Armelle x Lud) x Luke	1981	GB	Nickerson
CCS043	Roland	S2	Lud x Tellus	1981	S	Weibull
CCS044	Gunhild	S2	(Algerien x Lone) x MGH 63199	1981	DK	v.Lochow
CCS045	Arena	S2	Amethyst x Aufhammer 39/68	1983	D	Schweiger
CCS046	Apex	S2	Aramir x (Ceb.6721 x Julia x Volla x L100)	1983	D, NL	v.Lochow
CCS047	Helena	S2	(Matura x Carina) x Aramir	1983	D	Ackermann
CCS048	Beate	S2	Trumpf x Medina	1984	A	Saatenring
CCS049	Candice	S2	(Armelle x Lud) x Luke	1984	GB	Nickerson
CCS050	Golf	S2	(Armelle x Lud) x Luke	1982	GB	Nickerson
CCS051	Ultra	S2	Aramir x Carina	1984	D	Firlbeck
CCS052	Camelot	S2	Aramir x (Magnif.105 x Universe)	1985	D	Heidenreich
CCS053	Hockey	S2	Claret x Goblin	1986	GB	Nickerson
CCS054	Klaxon	S2	RPB 16/71 x Nackta	1985	GB	Nickerson
CCS055	Lerche	S2	(Flo.1625 x Union x Ingrid) x (Carina x Drossel)	1985	D	v.Lochow
CCS056	Alexis	S2	Br.1622 x Trumpf	1986	D	Breun
CCS057	Toga	S2	Trumpf x Welam	1986	A	Probstdorf/ Franck
CCS058	Regatta	S2	PF 52213 x Claret	1987	GB	Nickerson
CCS059	Comtesse	S2	74195 x 5238/8-74 x Aramir	1987	D	Nordsaat
CCS060	Cheri	S2	Trumpf x (Medusa x Diamant)	1987	D	BPZ/Schweiger
CCS061	Defra	S2	Gerlinde x Karat	1984	D	Langenstein/ v.Lochow
CCS062	Princesse	S2	Universe x J-427(Ricardo)	1988	D	Nordsaat
CCS063	Fink	S2	Gimpel x FDO973	1989	D	v.Lochow
CCS064	Maresi	S2	(Cebeco 6801 x GB 1605) x 46459/68	1986	A,DK	Bernburg/Sacon
CCS065	Pompadur	S2	FDO129 x Patty	1990	F	Desprez/ v.Lochow
CCS066	Meise	S2	(No.7372 x Gimpel) x Gimpel	1991	D	v.Lochow
CCS067	Otis	S2	(08020 x Europa) x Atem	1992	A	v.Lochow
CCS068	Marina	S2	(HVS2.1142-4-79 x Salome)	1990	D	Bernburg
CCS069	Othega	S2	(Ceb.7931 x Pompadour) x (S77323 x Golf)	1996	L	v.Lochow
CCS070	Madras	S2	(R.62761 x 4.2606) x Alexis	1997	B	v.Lochow
CCS071	Madonna	S2	Marina x Krona	1997	D	v.Lochow
CCS072	Pasadena	S2	Marina x Krona	1998	L	v.Lochow
CCS073	Amrigschwander verbesserte 4zlg. Schwarzwälder	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS074	Donaria	S2	Isaria x Kneifel	1941	D	Ackermann
CCS075	Isaria	S2	Danubia x Bavaria	1924	D	Ackermann
CCS076	Hauters Pfälzer	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS077	Messkirchner	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS078	Saale	S2	Weihenst.MRI x Morgenrot	1950	D	Halle
CCS079	Verbesserte E. Schliephakes	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt

CCS080	Lechtalgerste	S2	Feldauslese	1924	D	Lichti
CCS081	Peragis	S2	Heils Franken x Bavaria	1932	D	Kleinwanzleben
CCS082	Pfälzer	S2	Selektion aus Landgerste der Pfalz	1909	D	Fuchs
CCS083	Schwarze G.V. Strube	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS084	Alpine Pfauengerste	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS085	Derenburger Svöl. Gold	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS086	Dummersdorfer	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS087	Pfälzer Land	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS088	Guttentager Land	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS089	Jassener Land	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS090	Köstlins Sommergerste	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS091	Kraffts Ried	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS092	Kraffts Starkenburger Land	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS093	Räckers Landgerste	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS094	Müllers Landgerste	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS095	Neuhaus Landgerste	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS096	Oberpfälzer	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS097	Oldenburger	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS098	Oppiner Land	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS099	Verbesserte Pfälzer	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS100	Mansholts Zweizelige	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS101	Bensings Sommergerste	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS102	kleine Tromiter	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS103	Hennersdorfer K64	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS106	Rothenburger Land	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS107	Triumpf (=Trumpf)	S2	Diamant x 14029/64/6 (Alsa x S3170/Abyss) x 11719/59) x Union	1973	D	Hadmersleben
CCS108	Bavaria	S2	Selektion aus niederbayerischer Landgerste	1910	D	Ackermann
CCS109	Danubia	S2	Niederbayerische Landgerste	1912	D	Ackermann
CCS110	Corniche (=Nebi)	S2	99991/70 x (Emir x S 487)	1983	D	Biendorf
CCS111	Criewener 403	S2	Selektion aus Proskowitzer Hanna	1910	D	Armin
CCS112	Grit	S2	(55474/67 x 46459/68) x 480/68	1979	D	Langenstein
CCS113	Franken	S2	Selektion aus fränkischer Landgerste	1895	D	Heil
CCS114	Hora	S2	Sultan x LBP1206N x Volla	1980	D	Müller
CCS115	Kneifel Vollkorn	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS116	Kneifel Typ P13	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS117	Perun	S2	HE 1728 x Karat	1988	D	Hrubcice/ NKG-Nord
CCS118	Pflugs Intensive	S2	Selektion aus neiderbayerischer Landgerste	1921	D	Pflug
CCS119	Probsteier	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS120	Salome	S2	((Galina x Ha46655) x 36462) x 14008/64	1981	D	Langenstein
CCS121	Voldagsen	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS123	Schliephakes Germania	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS124	FirlbecksIII/621	S2	Heils Franken x Krim	1948	D	Firlbeck
CCS125	Voldagsen 8141/44	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS126	Amsel Af 2x	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS127	Firlbeck Stamm Af	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS128	Ingrid Af 2x	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS129	Union Af 2x	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS130	Villa Af 2x	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS131	Volla Af 2x	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt

CCS132	Wisa Af 2x	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS133	Kristina Af 2x	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS134	Wisa (Rommel) Af 2x	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS135	Breuns Devise	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS136	Breuns Sommergerste	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS137	Dippes Hanna	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS138	Preussen	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS139	Reisgersten Linie I	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS140	Reisgersten Linie II	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS142	kleine Nacktgerste	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS144	Schneiders Eckendorfer	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS145	Mutante Rothalmig	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS146	Frühe 31 Af 2x	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS147	Braunes Hanna	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS148	Julia	S2	Delta x Wisa	1970	S	v.Lochow/ Weibull
CCS149	Hildebrandt Hanna	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS150	Nackta	S2	678 x Carlsberg x Ub.Baco x LBP409/250	1969	D	Streng
CCS151	Frühlingserste	S2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS153	Barke	S2	Libelle x Alexis	1996	D	Breun

Sommergerste 6zlg.

CCS008	Asse	S6	Adonia x Dea x Frisia	1967	D	Breustedt
CCS104	Deutsche Sommergerste	S6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS105	Oldenburger Landgerste	S6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS122	Eckendorfer Ecki	S6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCS141	Heidesandgerste	S6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt

Wintergerste 2zlg.

CCW006	Malta	W2	Carstens 1565 x Strengs Aurea x Dea x Herfordia	1968	D	Ackermann
CCW017	Sonja	W2	Tria x Malta	1974	S	Engelen
CCW022	Igri	W2	Malta x LBP 1427 x Ingrid	1976	D	Ackermann
CCW024	Hydra	W2	Malta x Firlbecks Astrid x Carlsberg II	1974	D	BPZ/Saatenring
CCW042	Sonate	W2	Sonja x Stamm	1983	F	Firlbeck
CCW044	Marylin	W2	v.Rümker 6205 x Malta x Senta	1981	D	Franck
CCW048	Viola	W2	LBP 4622 x (Malta x Sonja)	1981	D	Firlbeck
CCW049	Irla	W2	Malta x LBP 1911	1982	CZ	v.Lochow
CCW052	Diana	W2	1106 x Malta x Tria x LBP 818	1982	D	Breun
CCW055	Danilo	W2	Marko x FDE 257-21-5-1	1984	D	v.Lochow
CCW056	Alraune	W2	Hydra x LBP 4170	1984	D	Saatenring
CCW057	Marinka	W2	(Alpha x SvP 674) x Malta	1985	B, GB, NL	Cebeco/v.Lochow
CCW059	Posaune	W2	Sonja x (Hydra x LBP 3533)	1985	D	Firlbeck/Breun
CCW060	Harmonika	W2	Igri x (Hydra x LBP 3533)	1985	D	Firlbeck
CCW062	Trixi	W2	Ber685 x LBP 2437 x LBP 4072	1987	D	Ackermann
CCW063	Pamir (=Palazia)	W2	LBP 1927 (Malta x LBP 1423) x LBP 9572 (Iduna x LBP 9375)	1986	D	BPZ/Braun
CCW081	Intro	W2	(Grand Marta x Syria 8992) x Flamenco	1993	F, GB, NL	Zelder
CCW085	Elpaso	W2	(Marko x Malta) x Diana	1994	D	v.Lochow
CCW087	Jura	W2	Labea x Marina	1995	S	Breun/v.Lochow
CCW093	Tafeno	W2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt

CCW095	Isolde	W2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW109	Carstens 2zlg.	W2	Eckendorfer x Svalöfs Primis x Friedrw. Berg	1924	D	Carstens
CCW110	Kapuzentragende aus Kreuzung	W2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW111	Triesdorfer Stamm 441	W2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW112	Triesdorfer Stamm 441 beschallt (graue Pflanzen)	W2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW113	Triesdorfer Stamm 441 beschallt (helle Pflanzen)	W2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW114	Triesdorfer Stamm 441 beschallt (dunkle Pflanzen)	W2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW146	Goldthorpe	W2	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt

Wintergerste 6zlg.

CCW001	Mädru	W6	((Ragusa x Mahnd.Viktoria) x (Bolivia x Ragusa)) x (Mahnd.Viktoria x Ragusa) x Nacktgerste	1959	D	Eckendorf
CCW002	Hauters Wintergerste	W6	((Ragusa x Peragis 12) x (Heils Franken x Friedrw.Berg x Tschermaks 2z.)) x ((Ragusa x Mahnd.Viktoria) x (Bolivia x Ragusa))	1953	D	Schmidt
CCW003	Wigo	W6	Peragis melior x Schladener I	1965	D	Heine Peragis
CCW004	Dura	W6	(Friedrw. Berg x Ragusa) x Doria	1961	D	Streng
CCW005	Atlantis	W6	(Friedrw. Berg x Chiro Chinko) x Breustedt 61/29	1964	D	Breustedt
CCW007	Dunja	W6	(Firlbecks 4zlg. X Ungarische) x R52	1964	D	Engelen
CCW008	Inka	W6	Hauter x Domina x Vogels. Agaer	1966	D	Engelen
CCW009	Vogelsanger Gold	W6	(Isaria x H 204) x WG 5	1965	D	Hauptsaaften
CCW010	Jaspis	W6	Isaria x H 204 x Peragis früh x Peragis VII x Hauter	1969	D	Breustedt
CCW011	Regia	W6	Hauter x Dina	1967	D	Firlbeck
CCW012	Tocka	W6	Hauter x C3-51	1968	D	Eckendorf
CCW013	Ago	W6	Perga x Perga Stamm	1969	D	v.Lochow
CCW014	Majo	W6	Stamm x Hauter	1972	D	Dippe
CCW015	Mirra	W6	6109 x Herfordia	1972	D	Eckendorf
CCW016	Morgenröte	W6	Hauter x LBP 653	1972	D	Schmidt
CCW018	Espe	W6	Triesdorfer 473 x Dina x Mädru	1972	D	Triesdorf
CCW019	Barbo	W6	Weissenhausen 6448 x 3941 x Dea	1974	D	v.Lochow
CCW020	Bollo	W6	3941 x Atlas x Hauter	1972	D	v.Lochow
CCW021	Orga	W6	(Domina x Melior) x (Wong x Atlas)	1974	D	v.Lochow
CCW023	Doris	W6	((Eckendorfer x Mahndorfer) x Wong) x Mädru	1974	D	Eckendorf
CCW025	Augusta	W6	Dura x Vogels. Gold	1978	D	Heidenreich
CCW026	Tilli	W6	Herfordia x Firlbecks 4zlg.	1974	D	Breustedt
CCW027	Ambio	W6	(3941 x Perga) x Melior	1975	D	v.Lochow
CCW028	Birgit	W6	((Herfordia x H 204) x Mädru) x Weissenhaus382/49	1976	D	Eckendorf
CCW029	Katja	W6	(Dea x Herfordia) x (LBP 270/248 x Dea x Hauter)	1975	D	Engelen
CCW030	Kiruna	W6	(Dura x Stamm 28) x Vogels. Gold	1976	D	Streng
CCW031	Banteng	W6	((Platen 23/49 x Vinesco) x Dea) x Jumbo	1976	NL	Mansholt
CCW032	Vogelsanger Früh	W6	Selektion aus Vogelsanger Gold	1976	D	MPI
CCW033	Gerbel	W6	(Ager x Jumbo) x FDE 244/95 (Ager x Asterix	1978	F	v.Lochow

			x Mana)			
CCW034	Mammut	W6	Vogels. Gold x (Mädru x Weissenhaus382/49	1978	D	Eckendorf
CCW035	Detto	W6	Wigo x Jaspis	1979	D	v.Lochow
CCW036	Makro (=Marko)	W6	(Herfordia x Dea) x (Urania x Herfordia x Hauter)	1979	NL	Mansholt
CCW037	Petra	W6	Mirra x Vogels. Gold	1979	D	Eckendorf
CCW038	Tapir	W6	DSGW 167 x Pella	1980	NL	Semundo/HAEG
CCW039	Freya	W6	Pella x Vogels. Gold	1980	D	Eckendorf
CCW040	Franka	W6	((Vogels. Gold x Senta) x (Dura x Dea)) x Vogels. Gold	1980	D	Streng
CCW041	Hasso	W6	Dura x (Weissenhaus 6448 x Hauter x D5)	1980	D	v.Lochow
CCW043	Corona	W6	((Dura x Dea) x Perga) x Vogels. Gold	1980	D	Streng
CCW045	Rubina	W6	unbekannt	1982	D	MPI
CCW046	Ermo	W6	(Dura x Senta) x Vogels. Gold	1981	D	v.Lochow
CCW047	Largo	W6	Dunja x Barbo x Vogels. Gold	1981	D	v.Lochow
CCW050	Sigra	W6	Dunja x 63/1713	1982	CZ	v.Lochow
CCW051	Ginso	W6	(Dura x Senta) x Vogels. Gold	1982	D	v.Lochow
CCW053	Catinka	W6	(Dura x Vogels. Gold) x Mirra	1983	D	Heidenreich
CCW054	Andrea	W6	(Dura x Tocka) x Banteng	1984	D	Eckendorf
CCW058	Gundula (= Gudula)	W6	Vogels. Gold x Dura Vogels. Gold	1985	D	Hauptsaaften
CCW061	Triton	W6	Kreuzung aus 8 F-1en	1986	B	Franck
CCW064	Brunhild	W6	Barbo x Banteng	1986	D	Eckendorf
CCW065	Borwina	W6	(Gülz.23355/66 (Valja) x Vogels. Gold) x H.7246/66	1982	CZ	Gülzow
CCW066	Banjo	W6	(Barbo x MG 11168) x LP29698P	1986	D	v.Lochow
CCW067	Ricci	W6	(Dura x Vogels. Gold) x Morgenröte	1989	D	Eckendorf
CCW068	Copia	W6	(Madonna x LBP 3758) x Madonna	1987	D	Streng
CCW069	Asorbia	W6	LBP 4005 x Franka	1988	D	Streng
CCW070	Kendo	W6	Pamina x Ambio x Marko	1987	D	v.Lochow
CCW071	Alpaca	W6	Banteng x Tapir	1987	B, NL	Semundo
CCW072	Colonia	W6	Selektion aus spontaner Kreuzung Kiruna x Trumpf	1989	D	MPJ
CCW073	Catania	W6	(Madonna x LBP 3758) x Madonna	1989	D	Streng
CCW074	Grete	W6	(641003 x Tocka) x Vogels. Gold x (Pella x Dura)	1989	S	Eckendorf
CCW075	Gaulois	W6	Gerbel x Athene	1989	D	v.Lochow
CCW076	Pedro	W6	(Ambio x HG 8668) x (Dura x Wiga)	1989	D	v.Lochow
CCW077	Frances	W6	Athene x Mammut	1989	D	Dippe
CCW078	Express	W6	Robur x Athene	1990	D	Eckendorf
CCW079	Noveta	W6	(Birgit x Banteng) x Capri	1991	D	Eckendorf
CCW080	Krimhild	W6	(Marko x Mammut) x Tapir	1991	B, L	Eckendorf
CCW082	Elektra	W6	Bulgarische Nr. 468 x HVW 461/72	1988	D	SZ Leutewitz
CCW083	Sorna	W6	(Maris Mink x HVW 461/72) x Erfa	1989	D	SZ Leutewitz
CCW084	Berit	W6	(2211/76 x (Miraj x HVW 461/72))	1990	D	APZ Bernburg
CCW086	Julia	W6	(Bulgarische Nr. 468 x Erfa) x Masto	1995	D	DSV Leutewitz
CCW088	Nikel	W6	Express x Tasso	1997	F	Eckendorf
CCW089	Cornelia	W6	Gauloises x Masto	1998	L	DSV Leutewitz
CCW090	Nelly	W6	(Tapir x 76079) x ((Birgit x Banteng) x Gerbel)	1998	B, F, I	Eckendorf
CCW091	Candesse	W6	Gaulois x Grete	1999	D	Eckendorf
CCW092	Tilia	W6	(33 x Rubina) x Semptra	1999	D	DSV Leutewitz

CCW094	Theda	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW096	Inga	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW097	Vogels Agaer	W6	Landsorte aus Thüringen	1929	D	Vogel
CCW098	Kalkreuther Fruehe	W6	Eckendorfer x Schwarze Wechselgerste	1914	D	Kalkreuth
CCW099	Engelens 6zlg.	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW100	Breustedts Atlas	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW101	Domina	W6	Friedrw. Berg x Ragusa	1945	D	Streng
CCW102	Nacktgerste aus Kreuzung	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW103	Eckendorfer Mammuth II	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW104	Peragis	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW105	Perga	W6	((Ragusa x Mahnd. Viktoria) x (Bolivia x Ragusa)) x (Mahnd. Viktoria x Ragusa) x Nacktgerste	1960	D	Heine Peragis
CCW106	Triesdorfer Stamm 441	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW107	Triesdorfer Stamm 441	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW108	Vulcan	W6	Domina x Wong	1968	D	Eckendorf
CCW115	Schladener I	W6	Friedrw. Berg x (Eckendorfer x Schwarze)	1942	D	Breustedt
CCW116	Hord Hex Giganteum	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW117	Mausberg	W6	Holländische Landgerste	1926	D	Dr. Mausberg
CCW118	Landgerste Altschlage	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW119	Ebersbacher	W6	Selektion aus Friedrichswerther Berg	1922	D	Ebersbach
CCW120	Firlbecks 4zlg.	W6	((Ragusa x Mahnd. Viktoria) x Bolivia x Ragusa) x ((Ragusa x Peragis 12) x (Heils Franken x Friedrw. Berg))	1952	D	Firlbeck
CCW121	Doria	W6	Ragusa Stamm 45 x Friedrw. Berg	1942	D	Streng
CCW122	Erfurt	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW123	Herfordia	W6	Peragis Stamm x Schladener I	1950	D	Dippe
CCW124	Peragis 12 Melior	W6	Peragis Stamm x Ragusa	1952	D	Heine Peragis
CCW125	kurzachige Fruehe	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW126	Eiszapfen	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW127	Neuzucht F1341 (Kleinwanzleben)	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW128	Undine	W6	(Hoh. 768/42 x Hoh. 65/29)	1964	D	Hohenthurm
CCW129	Auslese Vogels. Gold	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW130	Viktoria	W6	Kirsches 4zlg. X Weihenstephan 2zlg.	1920	D	Ackermann
CCW131	Berrendorfer Triumph	W6	Selektion aus Eckendorfer Mammuth	1921	D	Beerendorf
CCW132	Peragis mittelfrüh	W6	(Kleinwanzlebener x Friedrw. Berg) x (Friedrw. Berg x Kleinwanzlebener)	1929	D	Peragis
CCW133	Schwarze WG Vogelsang	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW134	Glatta	W6	Friedrw. Berg x 865/38 x MIV x 865	1953	D	Eckendorfer
CCW135	Erfurt	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW136	Breustedter	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW137	Breustedts 75	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW138	Breustedts Wintergerste	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW139	Eckendorfer Alt	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW140	Eckendorfer Mammuth (Alt)	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW141	Eckendorfer Mammuth ausl. Winter 1942	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW142	Eckendorfer Mammuth IV	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW143	Schneiders Eckersdorfer	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt

CCW144	Strengs WG	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW145	kurzaehrige fr. Wintergerste	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW147	Mercedes	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW148	Engelens Inka	W6	Hauter x Domina x Vogels. Agaer	1966	D	Engelen
CCW149	Senta	W6	(Firlbecks 4zlg. x Ungarische) x Dea	1963	D	Engelen
CCW150	Engelens WA	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW151	Engelens III	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW152	Kapuziner aus Kreuzung	W6	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt
CCW153	Engelens II	W6	Friedrw.Berg x Eckendorfer x Schwarze	1947	D	Engelen
CCW154	Carola	W6	(SG 402085 x Franka) x GW 1307	1998	A, F, L	Nordsaat

10. Konsequenzen für eventuelle weitere Forschungsaktivitäten

Als Konsequenzen für weitere Forschungsaktivitäten ergeben sich zwei Möglichkeiten:

- die Muster der Gersten Core-Collection könnten untereinander gekreuzt und daraufhin phänotypisch und molekularbiologisch untersucht werden. Die Kreuzung der Muster untereinander würde zu einem sog. Evolutionsramsch führen, der für eventuelle Züchtungsprozesse verwendet werden kann.
- Nachdem die Erstellung einer Gersten Core-Collection für NRW die nötigen Grundlagen für die Verfahrensweisen geschaffen hat, wäre es interessant auch für andere, in NRW bedeutsame Kulturarten, eine Core-Collection zu etablieren. Hier wäre es dann interessant, zu vergleichen, ob die Methoden der Datenevaluation auch auf andere Kulturarten übertragbar wären. Des Weiteren sollte überlegt werden, ob man die Muster der Gersten Core-Collection nicht ähnlichen Leistungsprüfungen unterziehen sollte, wie dies bereits im Rahmen der Landessortenversuch durchgeführt wird.

11. List über Publikationen, Vorführungen und Demonstrationen

11.1 Publikationen

2002:

Reetz T. und Léon J. „Die Erhaltung der genetischen Diversität bei Getreide - Aufbau einer Gersten Core-Collection für NRW.“ GPZ Jahrestagung „Vom Genom zur Sorte“. 27.– 01. März.2002.
(Abstract + Posterpräsentation)

2003:

Reetz T. und Léon J. “The Conservation of genetic diversity in crops: Establishment of a local barley (*Hordeum vulgare* L.) core-collection for North Rhine-Westphalia (Germany).”
Posterpräsentation IPK-Gatersleben
(Abstrakt + Posterpräsentation)

Reetz T. und Léon J. „Die Erhaltung der genetischen Diversität bei Getreide - Aufbau einer Gersten Core-Collection für NRW.“ AG Pflanzengenetische Ressourcen: „On-farm-Management – von pflanzengenetischen Ressourcen im Rahmen der Pflanzenzüchtung“ Göttingen, 20.-21. Nov. 2003
(Posterpräsentation)

2004:

Reetz T. und Léon J. “The Conservation of genetic diversity in crops: Establishment of a local barley (*Hordeum vulgare* L.) core-collection for North Rhine-Westphalia (NRW, Germany).”
9th International Barley Genetics Symposium. Brno, Tschechien. 20 – 26 Juni 2004
(Abstrakt, Veröffentlichung, Posterpräsentation)

Reetz T. „Nutzbarmachung der genetischen Diversität in Getreide: Erstellung einer lokalen Core-Collection. AG Pflanzengenetische Ressourcen: „Polygene und genetische Ressourcen“ Bonn, 15. – 16. Juni 2004.
(Vortrag + Posterpräsentation)

11.2 Demonstrationen

2003:

Reetz T. und Léon J. „Die Erhaltung der genetischen Diversität bei Getreide - Aufbau einer Gersten Core-Collection für NRW.“ 100 Jahr Feier der Lehr- und Forschungsstation Dikopshof und Tag des offenen Hofes. Köln-Wesseling, Juni 2003.

(Posterpräsentation + Versuchspräsentation)

2004:

Reetz T. und Léon J. „Die Erhaltung der genetischen Diversität bei Getreide - Aufbau einer Gersten Core-Collection für NRW.“ 100 Jahr Feier der Lehr- und Forschungsstation Dikopshof und Tag des offenen Hofes. Köln-Wesseling, 18. – 20. Juni 2004.

(Posterpräsentation)

12. Kurzfassung

Die Erhaltung der genetischen Diversität bei Getreide. Auswahl einer Gersten Core-Collection für Nordrhein-Westfalen.

T. Reetz und J. Léon. Institut für Pflanzenbau – Professur für speziellen Pflanzenbau

Einleitung

Die Gerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) gehört zu den bedeutendsten Kulturpflanzen des Menschen. Im Zuge der Industrialisierung der Landwirtschaft wurden die bis dahin vorherrschenden „diversen“ Landsortenpopulationen durch wenige „uniforme“ Elitesorten verdrängt. Dies führte neben einer Verarmung des Landschaftsbildes auch zu einem Verlust an genetischer Diversität im Anbau. Um die genetische Diversität im Anbau zu erhöhen, ist das Bundesland Nordrhein-Westfalen (NRW) bestrebt, eine regionale Gersten Core-Collection zu etablieren.

Das Prinzip der Core-Collection beruht darauf, mit einem Minimum an Umfang, die genetische Variabilität eines vorgegebenen Ausgangssortimentes möglichst umfassend zu repräsentieren. Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurden „alte Gerstensorten“ (im Folgenden „Gerstenmuster“) zusammengetragen, die in NRW eine Anbaubedeutung hatten bzw. immer noch haben. Mit Hilfe verschiedener Techniken soll ein regionale Gersten Core-Collection für NRW (CC-NRW) erstellt werden.

Material und Methoden

Die diesem Projekt zugrunde liegenden Untersuchungsergebnisse stammen zum Einen aus Feldversuchen, die auf der Lehr- und Versuchsanstalt Dikopshof in den Jahren 2001 – 2003 erhoben wurden und zum Anderen aus Laboruntersuchungen, die am Institut für Pflanzenbau (Professur für speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung) durchgeführt wurden. Die Muster, die im Rahmen der Erstellung der Core-Collection untersucht wurden, wurden vom IPK Gatersleben und dem BAZ Braunschweig zur Verfügung gestellt.

Ergebnisse

Aufgrund der umfangreichen Datenbasis konnten die Verwandtschaftsbeziehungen der zu evaluierenden Gerstenmuster eindeutig geklärt werden. Das Ergebnis ist eine Core-Collection für Nordrhein-Westfalen, welche die genetische Diversität der Grundsammlung von 305 Gerstenmustern (152 Sommergersten und 153 Wintergersten) mit Hilfe von 40 Gerstenmustern (21 Sommergersten und 19 Wintergersten) bestmöglich abbildet. Der Anbau dieser phänotypisch sehr diversen Gerstenmuster hat neben der Erhöhung der genetischen Diversität im Anbau auch einen positiven Effekt auf das Landschaftsbild im Anbau von Kulturpflanzen.

13. Danksagung

Herrn Prof. Dr. J. Léon danke ich für die Überlassung des Themas und die ausführliche Betreuung bei der Abfassung der Arbeit.

Herrn PD Dr. K. Pillen danke ich für die ständige Diskussionsbereitschaft

Den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern der Professur für speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung danke ich für die Zusammenarbeit und Hilfsbereitschaft, besonders durch den Einsatz in der Ernteperiode.

Weiterhin möchte ich mich für die ganz hervorragende Betreuung der Außenversuche durch die Mitarbeiter der Lehr- und Forschungsanstalt „Dikopshof“ in Köln-Wesseling bedanken. Besonderer Dank gilt hier den Versuchstechnikern Herrn Bungert, Herrn Bünten, Herrn Meyers und Herrn Rehkopf.

Auch danken möchte ich dem IPK Gatersleben und dem BAZ Braunschweig für die Bereitstellung der verwendeten Sorten und der fachlichen Unterstützung

Meinen Eltern gilt sowohl ein moralischer Dank für die aufmunternden Wort, als auch genauso für die finanzielle Unterstützung während der Arbeit.

Das Projekt wurde dreijährig durch das Ministerium für Umwelt und Naturschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-Westfalen (MUNLV) und den Lehr- und Forschungsschwerpunkt „Umweltverträgliche und standortgerechte Landwirtschaft (USL)“ unterstützt