

Schriftenreihe des Institutes für Pflanzenbau

Band 1/2002

Andrea Binder

**Lokalisation von Genen für die Vererbung
des (1-3) (1-4)- β -D-Glukangehalts bei Gerste**

D 98 (Diss. Universität Bonn)

Shaker Verlag
Aachen 2002

Die Deutsche Bibliothek - CIP-Einheitsaufnahme

Binder, Andrea:

Lokalisation von Genen für die Vererbung des (1-3)-(1-4)- β -D-Glucosegehalts bei Gerste / Andrea Binder.

Aachen : Shaker, 2002

(Schriftenreihe des Institutes für Pflanzenbau ; Bd. 2002, 1)

Zugl.: Bonn, Univ., Diss., 2001

ISBN 3-8322-0316-8

Copyright Shaker Verlag 2002

Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Printed in Germany.

ISBN 3-8322-0316-8

ISSN 1619-9456

Shaker Verlag GmbH • Postfach 101818 • 52018 Aachen

Telefon: 02407 / 95 96 - 0 • Telefax: 02407 / 95 96 - 9

Internet: www.shaker.de • eMail: info@shaker.de

Lokalisation von Genen für die Vererbung des (1-3)(1-4)- β -D-Glukangehalts bei Gerste

(1-3)(1-4)- β -D-Glukane gehören zur Familie der linearen Polysaccharide. Man findet diesen Inhaltsstoff vornehmlich in Hafer und Gerste. Hochmolekulare gelöste β -Glukane können sich zu Gelen aggregieren. Diese Eigenschaft ist, je nach Verwendungsrichtung der Gerste, einerseits sehr willkommen, andererseits aber unerwünscht:

Beim Verzehr von glukanhaltigen Nahrungsmitteln kommt es beim Menschen zu einer Absenkung des Blutzucker- und des Cholesterinspiegels. Dieser aus ernährungsphysiologischer Sicht erwünschte Effekt wird durch die hohe Viskosität des Inhaltstoffes verursacht. Im Brauereigewerbe kann diese Eigenschaft den Brauprozess dagegen erheblich stören. β -Glukane können durch ungenügende Solubilisierung während des Brauvorgangs in die Würze gelangen. Dies kann im weiteren Verlauf zu Filterverstopfungen führen.

Bisher gibt es noch keine Untersuchungen für ein Kreuzungssystem, in das neben Kulturgersten auch Wildgersten, die sich durch hohe β -Glukangehalte auszeichnen, einbezogen worden sind. In der vorliegenden Arbeit wurde deshalb als Kreuzungselter neben der Kulturform Lerche die Wildform 41936, die über 8 % β -Glukan enthält, zur Kreuzung verwendet. Ziel der Arbeit war die Gewinnung von Informationen über die genetische Struktur des β -Glukangehalts. Zu diesem Zweck wurde eine QTL-Analyse durchgeführt. Insgesamt wurden 282 F₂-Nachkommen, die aus dieser Kultur- x Wildgerstenkreuzung hervorgegangen sind, für Kartierungszwecke verwendet.

Die einfache Regression der Markerdaten auf den Phänotyp ergab insgesamt 20 signifikante Marker für den β -Glukangehalt. Mit Hilfe der Intervallanalyse konnten fünf verschiedene Genorte, drei auf Chromosom 1 H und zwei auf Chromosom 2 H, für das Merkmal β -Glukan detektiert werden. Der Mikrosatellit-Marker HvALAAT erklärt auf Chromosom 1 H 12,3 % der phänotypischen Varianz an der Gesamtvarianz, auf Chromosom 2 H erklärt Mikrosatellit HvXYLISOG 5,4 % phänotypische Varianz. Durch die Berechnung des multiplen B's konnten 31,4 % phänotypische Varianz erklärt werden.

Die drei Genorte, die auf Chromosom 1 H detektiert wurden, zeigten jeweils additive Genwirkung. Einer der beiden Loci auf Chromosom 2 H wirkte ebenfalls additiv, der zweite Genort zeigte vollständige Dominanz. Neben diesen beiden Genwirkungen konnte weiterhin ein epistatischer Effekt zwischen dem β -Glukan-Locus GMS003 und dem Locus HvBDG, der das (1-3)(1-4)- β -D-Glukanase-Gen EI kodiert, nachgewiesen werden.