

DER ZÜCHTER

2. JAHRGANG

MÄRZ 1930

HEFT 3

(Aus dem Institut für angewandte Botanik, Leningrad.)

Über Chromosomen von Hafer und Haferbastarden.

Von H. Emme.

Die phylogenetischen Beziehungen innerhalb der Gattung *Avena* L., genauer der Sektion *Euavena* GRISEB., sind äußerst kompliziert. Noch vor ganz kurzer Zeit standen die Forscher vor dem Problem der Beziehungen unter den *Avena*-Arten ziemlich ratlos, und nur dank dem reichen Material, das durch die Expeditionen von N. I. VAVILOV in Afrika und der Pyrenäenhalbinsel eingebracht wurde, ist eine bedeutende Klärung eingetreten; eine ganze Reihe von

Es kann nun als festgestellt gelten, daß ebenso wie die Weizen, die Hafer der Sektion *Euavena* GRISEB. ihrer Chromosomenzahl nach in 3 Gruppen zerfallen¹.

Zur Gruppe mit 7/14 Chromosomen gehören: *A. clauda* DUR. (Abb. 1), *A. pilosa* MB. (laut Angabe von NIKOLAJEVA), *A. ventricosa* BALANSA (Abb. 2), *A. Bruhnsiana* GRUNER (Abb. 3), *A. strigosa* SCHREB. ssp. *hirtula* (LAG.) (Abb. 4), *A. strigosa* SCHREB. ssp. *strigosa* (SCHREB.) THELL

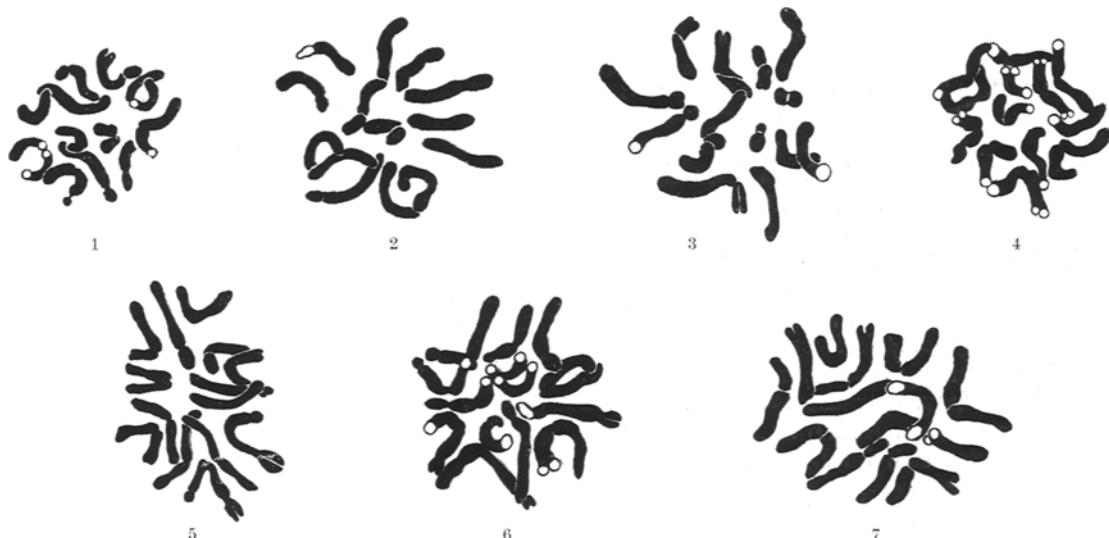


Abb. 1—7. Somatiche Kernplatten von 7/14-chromosomigen Hafern:
1. *A. clauda* DUR.; 2. *A. ventricosa* BALANSA; 3. *A. Bruhnsiana* GRUNER; 4. ssp. *hirtula* (LAG.). 5. ssp. *strigosa* (SCHREB.) THELL.
6. ssp. *strigosa* prol. *brevis* (ROTH.) THELL. 7. ssp. *strigosa* prol. *nuda* (L.) HAUSSKN. Vergr. x 4500.

Fragen bleibt aber noch immer offen. Auch innerhalb dieser Gattung haben die Ergebnisse karyologischer Forschung bei Klärung der systematischen Beziehungen zwischen den Arten eine wichtige Rolle gespielt.

Avena-Chromosomen sind von einer Reihe von Forschern untersucht worden; es sind das: TANNERT (1905), KIHARA (1919, 1924), NIKOLAJEVA (1920, 1922), WINGE (1925), HUSKINS (1925, 1926, 1927), STOLZE (1925), GOULDEN (1926), HANNAH, C. AASE et LE ROY POWERS (1926), EMME (zit. VAVILOV, 1926), STANTON et DORSEY (1927), EMME (im Druck), NISHIYAMA (1929).

(Abb. 5), *A. strigosa* SCHREB. ssp. *strigosa* prol. *brevis* (ROTH.) THELL. (Abb. 6), *A. strigosa* SCHREB. ssp. *strigosa* prol. *nuda* (L.) HAUSSKN. = *A. nudibrevis* VAV (Abb. 7).

Zur Gruppe mit 14/28 Chromosomen gehören: *A. strigosa* SCHREB. ssp. *barbata* (POTT) THELL (Abb. 8), *A. strigosa* SCHREB. ssp. VAVLOVIANA MALZ. (Abb. 9, 10) und *A. strigosa*

¹ Die Benennung der Formen erfolgt nach A. I. MALZEV, von welchem auch das ganze, von uns untersuchte Material stammt. Vgl. A. I. MALZEV, Wild and kultivated Oats, Sectio *Euavena* GRISEB. Verlag des Inst. für angew. Botanik und neue Kulturen, Leningrad, 1930; soeben erschienen.

SCHREB. ssp. *abyssinica* (HOCHST.) THELL. (Abb. 11).

Zur Gruppe mit 21/42 Chromosomen gehören: *A. fatua* L. ssp. *fatua* (L.) THELL., *A. fatua* L. ssp. *sativa* (L.) THELL. (Abb. 12), und *Prol. chinensis* (FISCH.) *A. sterilis* L. ssp. *macrocarpa* (MÖNCH.) BRIQ., *A. sterilis* L. ssp. *byzantina* (C. KOCH.) THELL., *A. sterilis* L. ssp. *Ludoviciana* (DUR.) GILLET et MAGNE.

jetzt THELLUNG die ausgiebigste Quelle zum Bestimmen der Hafer, besonders der Wildhafer, war, so existiert eine Unklarheit darüber, welche Form denn eigentlich von den oben genannten Autoren untersucht worden war; daß es sich nicht um ssp. *Wiestii* (STEUD.) THELL. handeln konnte, ist sicher. Andererseits haben aber wir bei einer Form aus Palästina, die N. I. VAVILOV als eigentliche *Wiestii* STEUD.

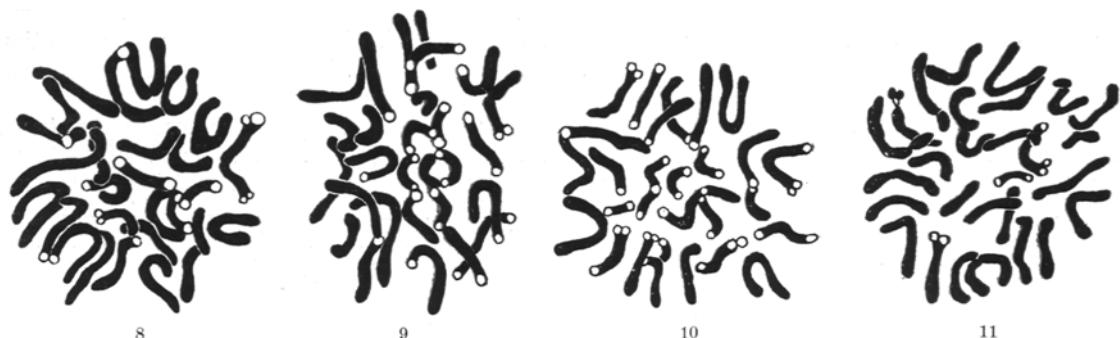


Abb. 8-11. Somatiche Kernplatten von 14/28 chromosomigen Hafern:

8. ssp. *barbata* (POTT) THELL. 9. ssp. *Vaviloviana* MALZ. var. *pseudoabyssinica* (THELL.) MALZ. 10. ssp. *Vaviloviana* MALZ. var. *intercedens* (THELL.) MALZ. 11. ssp. *abyssinica* (HOCHST.) THELL. Vergr. $\times 2000$.

Ungeklärt ist noch die Frage über die Chromosomenzahl von ssp. *Wiestii*. (STEUD.) THELL. HUSKINS und HANNAH C. AASE et POWERS geben für *A. Wiestii* 7/14 Chromosomen an; die Formen, welche von THELLUNG zu ssp. *Wiestii* gerechnet [var. *intercedens* (THELL.), var. *pseudoabyssinica* (THELL.) und var. *pilosiuscula* (THELL.)], von A. Malzev aber als besondere Unterart, ssp. *Vaviloviana* MALZ. betrachtet werden, besitzen 14/28 Chromosomen Abb. 9 und 10 (EMME; die Arbeit befindet sich im Druck). Da aber bis

betrachtet, tatsächlich 7/14 Chromosomen gefunden.

Von ganz besonderer Wichtigkeit ist, daß die Frage über die Beziehungen zwischen ssp. *barbata* und ssp. *strigosa*, die ja von den Systematikern THELLUNG und MALZEV als zu einer Sammelart, *A. strigosa* SCHREB. sensu ampl., gehörige Unterarten betrachtet werden, endlich gelöst zu sein scheint. Eine ganze Reihe von Autoren, Systematikern und Karyologen, stand noch bis vor ganz kurzer Zeit auf dem Standpunkt, daß *A. barbata* die Stammform von *A. strigosa* sei. Da aber *A. barbata* 28 (2 \times) und *A. strigosa* 14 (2 \times) Chromosomen besitzt, so mußte entweder beim Übergang der Wildform zur Kulturform eine phylogenetische Verminderung der Chromosomenzahl ums Zweifache vorausgesetzt werden; oder aber man mußte nach einer 7/14 chromosomigen *A. barbata* Ausschau halten. Diese glaubte nun KIHARA in einer (1924) von Dr. LOVE aus Kalifornia „*strigosa*-artigen“ *A. barbata* gefunden zu haben. Auf Grund aller seiner Daten stellte er folgendes Schema für die Beziehungen zwischen den einzelnen wilden und kultivierten Haferarten auf.

<i>Sativae:</i>	$(x = 7)$	$(x = 21)$	$(x = 21)$
<i>A. strigosa</i>	<i>A. sativa</i>	<i>A. byzantina</i>	
<i>Agrestes:</i>	<i>A. barbata</i>	<i>A. barbata</i>	<i>A. fatua</i>
	$(x = 14)$	$(x = 7)$	$(x = 21)$
			$(x = 21)$



Abb. 12. Somatiche Kernplatte von *A. fatua* L. ssp. *sativa* (L.) THELL. 42 Chromosomen. Vergr. $\times 4600$.

Aus diesem Schema ist zu ersehen, daß 2 *A. barbata*-Formen existieren müssen, eine mit 14/28 Chromosomen, von der keine kultivierten Derivate bekannt sind, und eine zweite mit 7/14 Chromosomen, die phylogenetisch zu *A. strigosa* hinüberleitet. Wie aber die Expeditionsstudien VAVILOVS zeigen, ist das Verhältnis ein ganz anderes. VAVILOV konnte feststellen, daß die Pyrenäenhalbinsel nicht nur eine große Formenmannigfaltigkeit von spp. *strigosa*, prol. *brevis* und *A. nudibrevis* (vgl. MORDVINKINA: Neue Daten über Sandhafer, 1929), sondern außerdem auch Rassen von spp. *hirtula* LAG. (bestimmt von A. MALZEV) beherbergt. Ssp. *hirtula* ist eine typische Wildhaferform mit einem Callus an der Kornbasis, steht sonst aber spp. *strigosa* überaus nahe. Schon das ganze Bild der geographischen Lokalisation ihrer Formen spricht für nahe Beziehungen mit den drei oben genannten Arten; die karyologische Untersuchung konnte dieses nur bestätigen: alle drei untersuchten Rassen erwiesen sich als 14-chromosomig ($2 \times = 14$). Somit sehen wir auf einem relativ kleinen Gebiet Formen (Ssp. *strigosa*, prol. *brevis*, *A. nudibrevis*, spp. *hirtula*), die morphologisch unzweifelhaft sehr nahe sind; da sie obendrein dieselbe Chromosomenzahl besitzen, so ist ihr Zusammenhang wohl außer Frage. Nach VAVILOV muß spp. *hirtula* als Wildform von spp. *strigosa* und prol. *brevis* betrachtet werden; *A. nudibrevis* steht zu diesen Formen wahrscheinlich in demselben Verhältnis wie prol. *chinensis* FISCH. zu spp. *sativa* und spp. *fatua*. Zwischen spp. *barbata* und spp. *strigosa* existieren keinerlei nähere Beziehungen.

Spp. *barbata* ist nach VAVILOV und MALZEV eine Wildform, die morphologisch dem Formenzyklus *A. strigosa* sensu ampl. gehört; keine ihr entsprechende Kulturform ist bekannt. Ihr Areal erstreckt sich weit über die Grenzen des Areals von spp. *hirtula*. Alle uns zugänglichen Formen, der var. *typica* MALZ. gehörig (subvar. *genuina*, *triflora*, *atheranta*) erwiesen sich als ausschließlich 14/28 chromosomig. Natürlich existiert keine Garantie, daß unter den Formen von spp. *barbata*, die in Form von keimfähigen Samen bisher auf keine Weise beschafft werden konnten, doch schließlich noch eine 7/14 chromosomige Form existieren könnte, die eventuell die Brücke von den 14-chromosomigen Formen zu spp. *barbata* schlagen würde.

Weitere äußerst interessante Tatsachen bergen die Verhältnisse unter den Haferformen des ganz isolierten abyssinisch-erythräischen Areals. Es sind das spp. *abyssinica* (HOCHST.) THELL. und spp. *Vaviloviana* MALZ. Diese Formen, die eine

einheitliche Skala von Übergängen vom ausgesprochenen Wildtypus (Callus, Behaarung von Basis, Rachis, Deckspelze, lange knieförmig gebogene Grannen usw.) bei den Varietäten der spp. *Vaviloviana* zu den ausgesprochen kultivierten Formen der spp. *abyssinica* bilden, dabei auf ein ziemlich eingeengtes Areal beschränkt sind, besitzen obendrein dieselbe Chromosomenzahl 14/28. Wir können auch hier von einer einheitlichen Formengruppe sprechen. Damit fällt, nach VAVILOV, eine zweite in der Hafer-systematik ziemlich eingebürgerte Ansicht über spp. *Wiestii* als wilde Stammform der spp. *abyssinica*. Wahrscheinlich wird die eigentliche spp. *Wiestii* zu spp. *barbata* zu stellen sein.

Was die übrigen Haferarten betrifft, so wird ihre phylogenetische Gruppierung durch die karyologischen Daten nur bestätigt, da sie alle 21/42 Chromosomen besitzen. Die phylogenetischen Beziehungen zwischen den zwei 42-chromosomigen Hafergruppen *A. sterilis* L. s. ampl. mit spp. *Ludoviciana* und spp. *byzantina* u. a. einerseits und *A. fatua* L. s. ampl. incl. spp. *fatua* und spp. *sativa* andererseits, kann nur durch weitgehende genetische und cytologische Studien ihrer Bastarde geklärt werden, und die Forschung steht diesbezüglich erst am Anfang ihrer Bahn.

Noch viel schwieriger ist das Problem über die phylogenetischen Beziehungen zwischen den verschiedenchromosomigen Formenzyklen der Hafer. Die genetische Forschung auf diesem Gebiete kann auch hier keine weitgreifenden Ergebnisse vorweisen. Soweit bekannt ist, versuchte als erster DORSEY (1924) sein Heil mit *fatua*-*barbata*-Bastarden; pentaploide und tri-ploide Bastarde beschreibt NISHIYAMA (1929). Dieser Autor erhielt Bastarde: *A. barbata* \times *A. strigosa* (triploid), *A. barbata* \times *A. fatua* und *A. barbata* \times *A. sterilis* (pentaploid). EMME (1929) erhielt Bastarde zwischen Vertretern von spp. *abyssinica* und spp. *barbata* einerseits und spp. *sativa* (var. *brunnea* KÖRN. und var. *iranica* VAV.) andererseits. IVANOV (die Arbeit befindet sich im Druck) berichtete zum ersten Allunionkongreß in Leningrad im Januar 1929 über pentaploide Bastarde zwischen *A. barbata* und *A. sativa*. Nur bei letzterem Autor erwiesen sich die F_1 -Bastarde steril, so daß eine F_2 und F_3 -Generation gezogen werden konnte. Unter den von uns 1928 gewonnenen 22 F_1 -Pflanzen waren alle absolut steril; aus 1929 ausgesäten F_1 Körnern (hauptsächlich *fatua* \times *abyssinica*) keimten schwächliche Pflanzen, die im Stadium des 3. und 4. Blattes zugrunde gingen. Über DORSEYS Bastarde ist uns nichts Näheres be-

kannt. NISIYAMA berichtet nur, daß die tri- und pentaploiden Bastarde höchst steril sind, und daß die Fertilität bis zu einem gewissen Grade schwankt.

Was die Anzahl der konjugierenden Chromosomen betrifft, so sind die Angaben der Autoren verschieden. DORSEY gibt für seine Bastarde 14 Bivalente an, EMME 7—8, NISHIYAMA zählt bei den trivalenten Bastarden 7—9 Bivalente (er beobachtete auch Bildung von 0—3 trivalenten Chromosomen), bei den pentaploiden

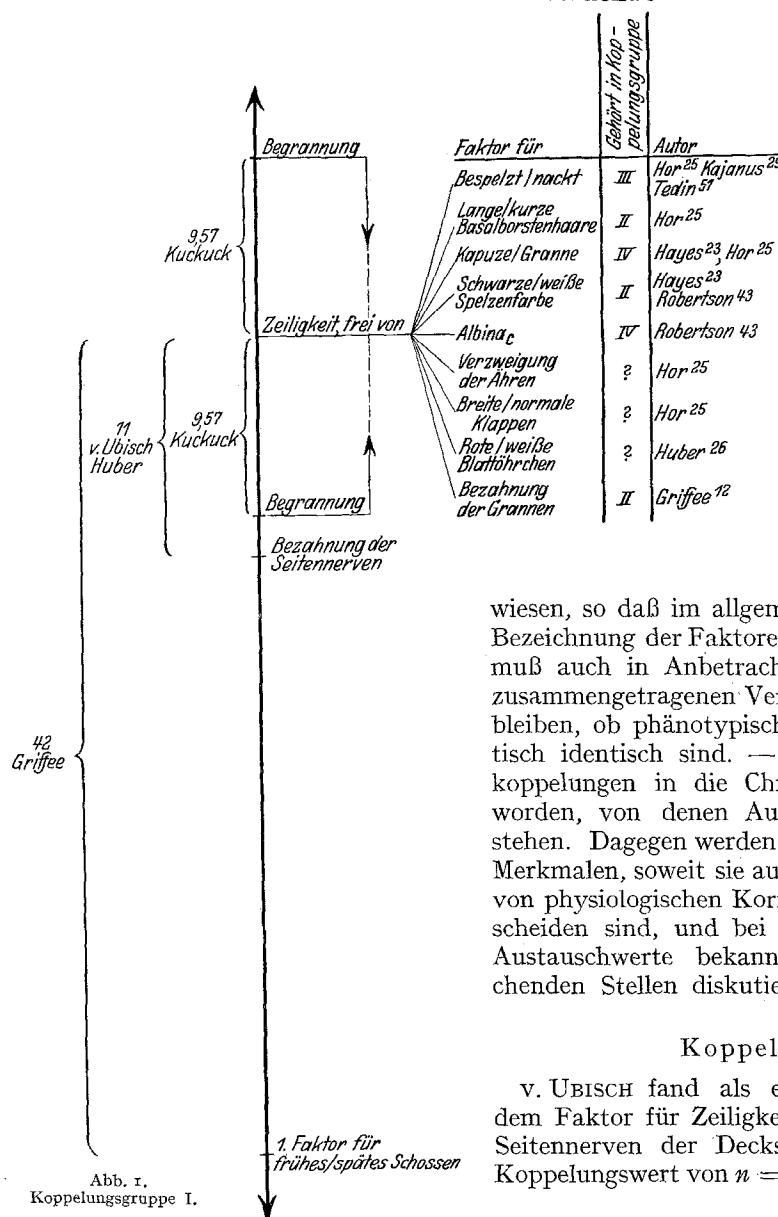
barbata × *fatua*-Bastarden 2—11 Bivalente, unter ihnen 1—4 Trivalente; bei den Bastarden *barbata* × *sterilis* 7—13 Bi- und 0—4 Trivalente.

Jedenfalls sind alle diese Ergebnisse nicht ausreichend, um irgendwelche vollgültigen Schlüsse über die Phylogene der 28- und 42-chromosomigen Hafer zu ziehen. Eine wesentliche Klärung der Frage erwarten wir von unseren Studien über die Morphologie der Chromosomen bei den verschiedenen Arten der Hafer.

(Aus dem Kaiser Wilhelm-Institut für Züchtungsforschung, Müncheberg.)

Versuch einer vorläufigen Chromosomentopographie bei Gerste.

Von H. Kuckuck.



Nach Feststellung NAKAOs besitzt die Gerste haploid 7 Chromosomen. Wir hätten demnach bei Annahme der MORGANSchen Theorie der beschränkten Zahl der Koppelungsgruppen 7 Koppelungsgruppen zu erwarten, auf die sich die verschiedenen Erbfaktoren verteilen. Es ist nun im folgenden der Versuch gemacht worden, die von den verschiedenen Autoren analysierten Spaltungen übersichtlich in Form einer vorläufigen Chromosomenkarte zusammenzustellen. Hierbei hat sich die wenig einheitlich durchgeführte Bezeichnung der Faktoren als recht hinderlich er-

wiesen, so daß im allgemeinen ganz auf die symbolische Bezeichnung der Faktoren verzichtet worden ist. Ferner muß auch in Anbetracht des verschiedenartigen hier zusammengetragenen Versuchsmaterials die Frage offen bleiben, ob phänotypisch gleiche Mutanten auch genetisch identisch sind. — Es sind nur solche Faktorenkoppelungen in die Chromosomenkarte aufgenommen worden, von denen Austauschwerte einwandfrei feststehen. Dagegen werden Beziehungen von quantitativen Merkmalen, soweit sie auf Grund ihrer Berechnungsweise von physiologischen Korrelationen nicht sicher zu unterscheiden sind, und bei denen also auch keine genauen Austauschwerte bekannt sind, nur an den entsprechenden Stellen diskutiert.

Koppelungsgruppe I.

v. UBISCH fand als erste eine Koppelung zwischen dem Faktor für Zeiligkeit und dem für Bezahlung der Seitennerven der Deckspelzen, und zwar mit einem Koppelungswert von $n = 5$. Aus 7 ihrer F_2 -Kreuzungen,

Abb. 1.
Koppelungsgruppe I.

die insgesamt eine Aufspaltung im Verhältnis von 832 zweizeilig bezahnt : 404 zweizeilig unbezahnt : 403 mehrzeilig bezahnt : 7 mehrzeilig unbezahnt ergeben, habe ich mit Hilfe der WELLENSIEKSchen Formel einen Austauschwert von 13,24 errechnet. — HUBER erhielt für dieselben Faktoren in F_3 eine Aufspaltung im Verhältnis von 187 zweizeilig bezahnt : 15 zweizeilig unbezahnt : 18 mehrzeilig bezahnt : 70 mehrzeilig unbezahnt und in F_4 96 zweizeilig bezahnt : 4 zweizeilig unbezahnt : 7 mehrzeilig bezahnt : 26 mehrzeilig unbezahnt (die Eltern hatten hier die umgekehrte Faktorenkombination wie in den Kreuzungen v. UBISCHS). Er berechnet hieraus einen Koppelungswert von $n = 8$. Um diese Zahlen vergleichen zu können, rechnete ich sie um; ich erhielt einen Austauschwert von 11,4% bzw. 8,4%. Alle drei Werte stimmen ziemlich weit überein, so daß man annehmen kann, daß die Faktoren für Zeiligkeit und Bezahlung in einer Entfernung von etwa 10 Einheiten liegen. — Nach Angaben von BIFFEN und ENGLEDOW treten bei Kreuzungen von zweizeiligen unbegrannnten \times mehrzeiligen begrannnten Formen in F_2 keine mehrzeiligen unbegrannnten auf. Aus bisher noch unveröffentlichten Untersuchungen habe ich in F_2 einer Kreuzung von *deficiens* grannenlos \times *distichum* begrannt einen Austauschwert von 9,57% erhalten. Ob nun der Begrannungsfaktor zwischen dem für Zeiligkeit und dem für Bezahlung liegt oder in der Karte (s. Abb. 1) oberhalb des Zeiligkeitfaktors zu lokalisieren ist, ist noch unbestimmt und kann nur durch Analyse der Eigenschaften „Bezahlung“ und „Begrannung“ entschieden werden. — Nach GRIFFEE (12) besteht ferner eine Koppelung zwischen dem Faktor für Zeiligkeit und einem der den Zeitpunkt des Schossens bedingenden Faktoren mit 42% Austausch. Für die genauere Lokalisierung dieses Faktors gilt dasselbe wie für den Begrannungsfaktor. — NEATBY kommt auf Grund variationsstatistischer Untersuchungen zu dem Ergebnis, daß mit der Zeiligkeit Faktoren, die die Ährendichte, Vegetationslänge, Wuchshöhe und Spelzenlänge verursachen,

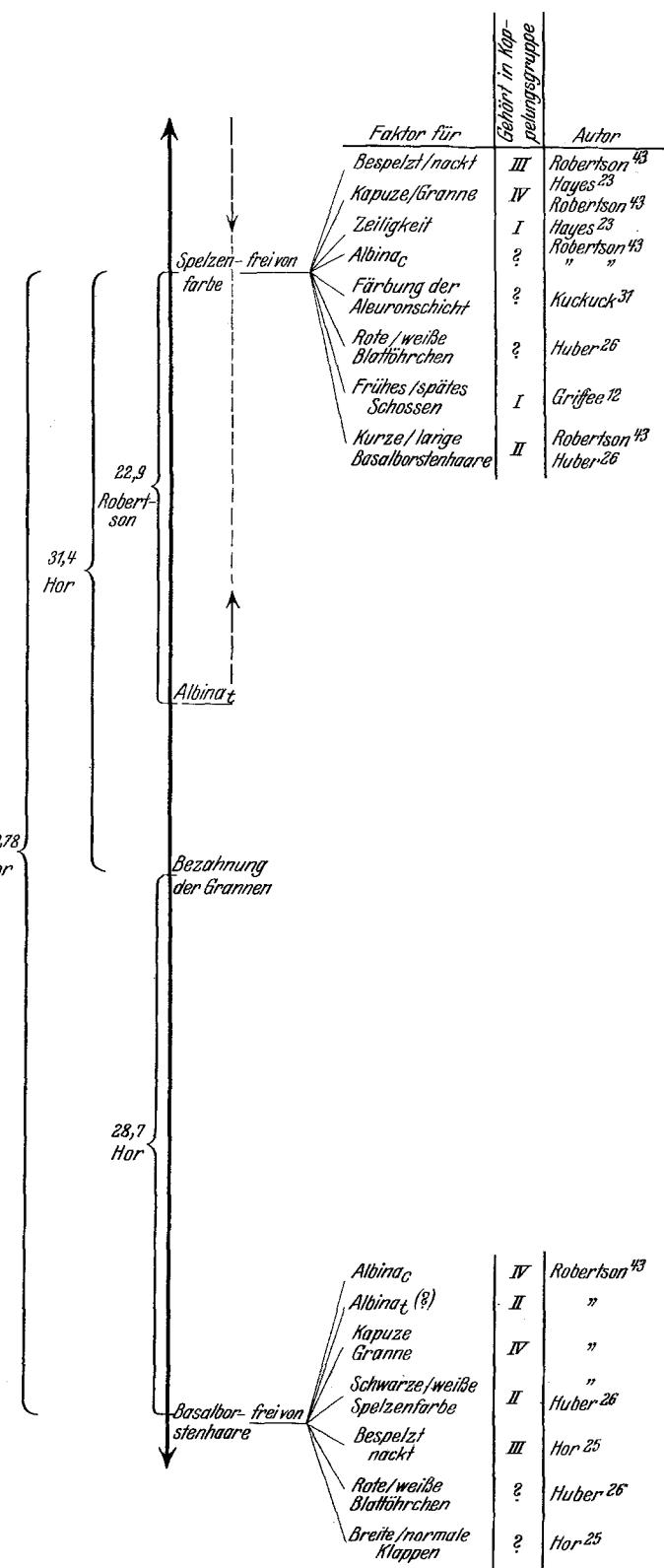


Abb. 2. Koppelungsgruppe II.

gekoppelt sind. Es ist bei Analysen dieser quantitativen Eigenschaften, die meistens genetisch durch mehrere unabhängig mendelnde Faktoren bedingt sind und stets eine fließende Aufspaltungsreihe ergeben, natürlich sehr schwierig, einen genauen Austauschwert anzugeben. Eine Koppelung zwischen Zeiligkeit und Wuchshöhe haben auch H. u. O. TEDIN festgestellt.

Die wahrscheinliche Anordnung der Faktoren im Chromosom und eine Übersicht über die Faktoren, die mit dieser Koppelungsgruppe freie Spaltung zeigen, ist aus Abb. 1 zu ersehen.

Koppelungsgruppe II.

Einer der Faktoren für bezahnte-unbezahlte Grannen ($R-r$), den wir in die zweite Koppelungs-

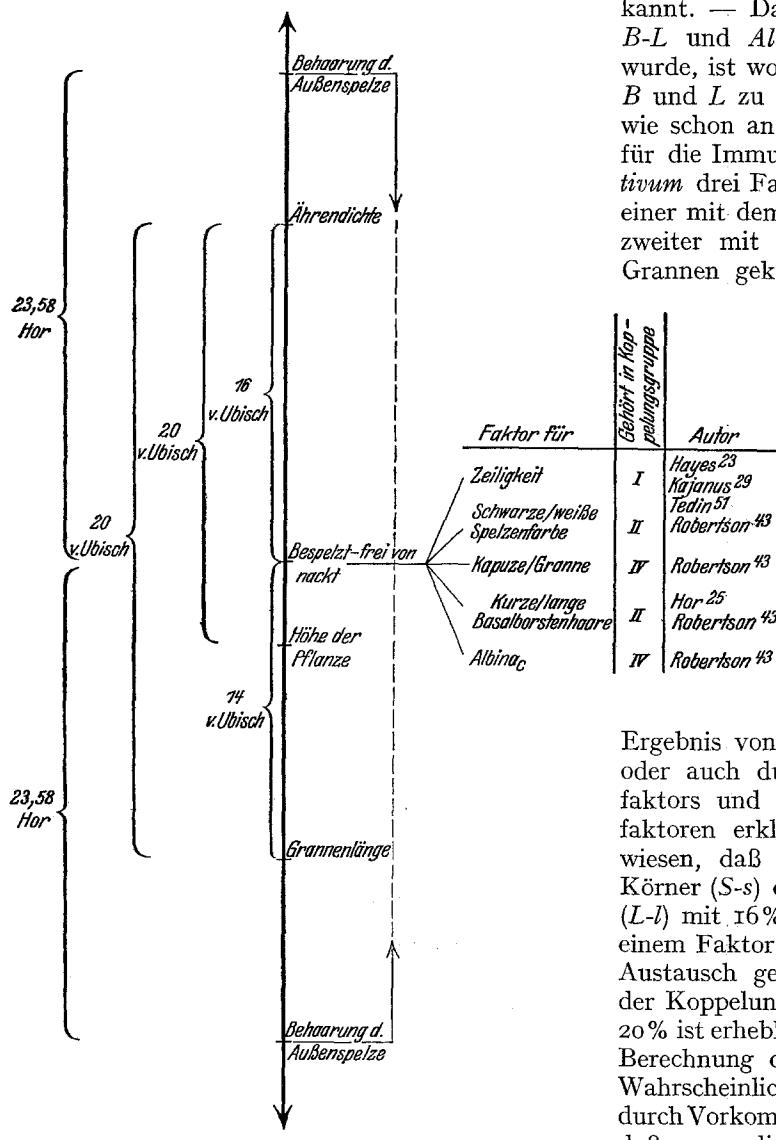


Abb. 3. Koppelungsgruppe III.

gruppe setzen, ist nach HOR (25) sowohl mit dem Faktor für schwarz-weiße Spelzenfarbe ($B-b$) als auch mit dem Faktor für lange-kurze Basalborstenhaare ($L-l$) gekoppelt. Die hieraus notwendigerweise sich ergebene Koppelung $B-L$ wurde auch tatsächlich, wenn auch als eine sehr schwache, gefunden. Die Austauschwerte, die nach F_3 Analysen für $B-R$ 31,4%, für $R-L$ 28,7% und für $B-L$ 40,48% betragen, zwingen zur Annahme, daß die Faktoren in der Reihenfolge $B-R-L$ im Chromosom liegen. Dieselbe Koppelung $R-L$ wurde auch von SIGFUSSON mit 30% Austausch festgestellt. — Nach ROBERTSON (43) ist auch der Chlorophyllfaktor $Albina_t$ mit B gekoppelt; der Austauschwert beträgt 22,9%; auf welcher Seite von B er liegt, ist noch unbekannt. — Daß von einigen Autoren zwischen $B-L$ und $Albina_t-L$ freie Spaltung gefunden wurde, ist wohl durch den weiten Abstand von B und L zu erklären. — GRIFFEE (12) macht, wie schon an anderer Stelle ausgeführt wurde, für die Immunität gegen *Helminthosporium sativum* drei Faktoren verantwortlich, von denen einer mit dem Faktor für Spelzenfarbe und ein zweiter mit dem Faktor für Bezahlung der Grannen gekoppelt sein soll. Austauschwerte

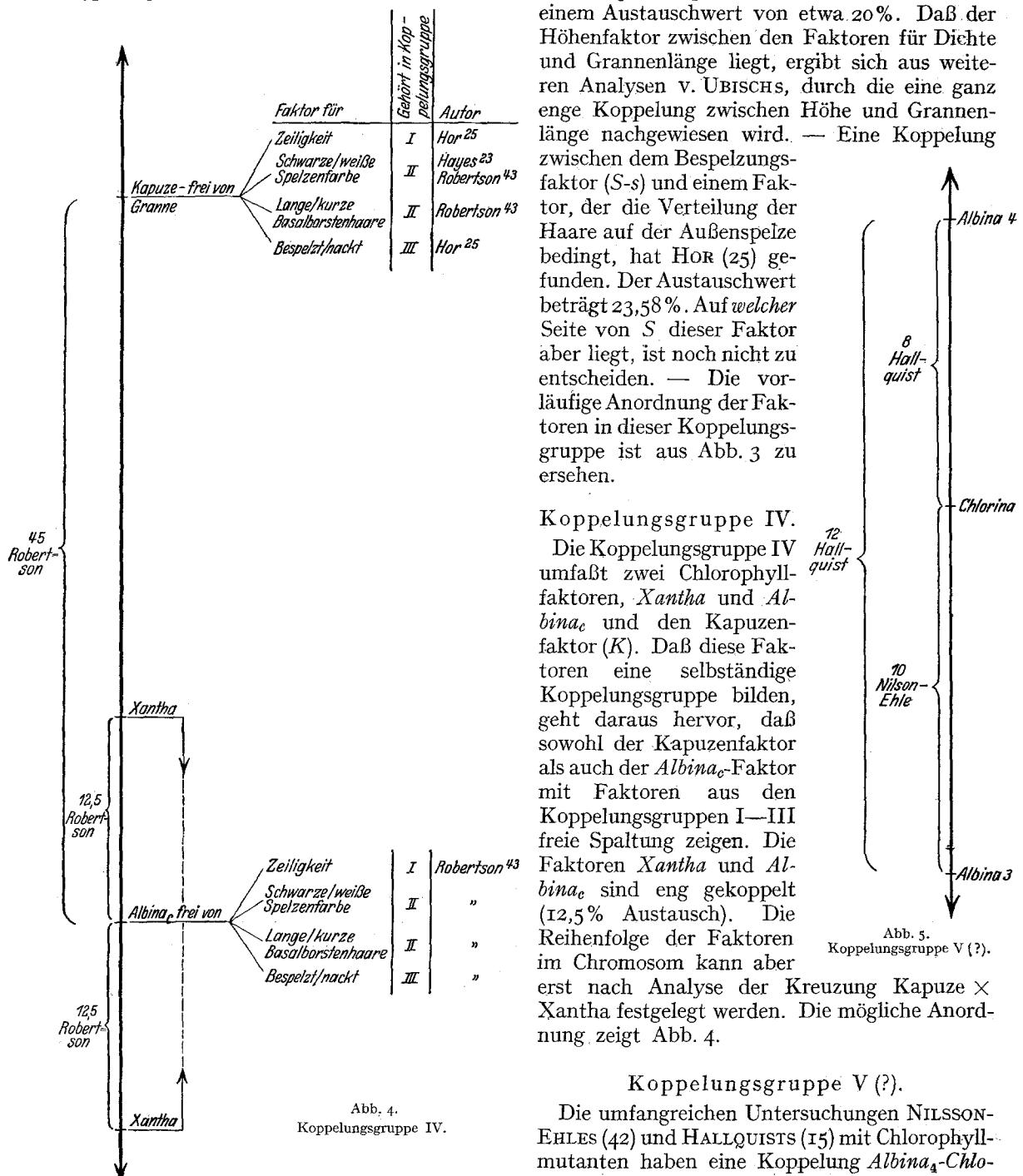
werden aber von ihm nicht angegeben, so daß eine genaue Lokalisation dieser Immunitätsfaktoren zur Zeit noch nicht möglich ist. — Das voraussichtliche Bild dieses Chromosoms zeigt Abb. 2.

Koppelungsgruppe III.

Wie schon an anderer Stelle („Züchter“ II, 2) ausgeführt wurde, lassen sich die Unterschiede in der Dichte der Ähren und der Grannenlänge, sowie auch in der Höhe der Pflanzen als das Ergebnis von gleichsinnig wirkenden Faktoren oder auch durch die Annahme eines Hauptfaktors und mehrerer modifizierender Nebenfaktoren erklären. — v. UBISCH hat nachgewiesen, daß der Faktor für bespelzte-nackte Körner ($S-s$) einerseits mit einem Dichtefaktor ($L-l$) mit 16% Austausch und andererseits mit einem Faktor für Grannenlänge ($A-a$) mit 14% Austausch gekoppelt ist. Der Austauschwert der Koppelung Dichte-Grannenlänge ($L-A$) mit 20% ist erheblich geringer als theoretisch aus der Berechnung der Teilstrecken zu erwarten ist. Wahrscheinlich erklärt sich diese Abweichung durch Vorkommen von doppeltem Austausch, so daß gegen die Annahme einer Anordnung der

Ergebnis von gleichsinnig wirkenden Faktoren oder auch durch die Annahme eines Hauptfaktors und mehrerer modifizierender Nebenfaktoren erklären. — v. UBISCH hat nachgewiesen, daß der Faktor für bespelzte-nackte Körner ($S-s$) einerseits mit einem Dichtefaktor ($L-l$) mit 16% Austausch und andererseits mit einem Faktor für Grannenlänge ($A-a$) mit 14% Austausch gekoppelt ist. Der Austauschwert der Koppelung Dichte-Grannenlänge ($L-A$) mit 20% ist erheblich geringer als theoretisch aus der Berechnung der Teilstrecken zu erwarten ist. Wahrscheinlich erklärt sich diese Abweichung durch Vorkommen von doppeltem Austausch, so daß gegen die Annahme einer Anordnung der

Faktoren in der Reihenfolge *L-S-A* keine Bedenken bestehen. — Ferner fand v. UBISCH eine Koppelung zwischen Ährendichte und Höhe der



Pflanzen. Für die *F*₂ einer Kreuzung von locker hohen \times gestauchten niedrigen Pflanzen erhält sie eine Aufspaltung im Verhältnis von 126 locker hoch : 14 locker niedrig : 36 gestaucht

hoch : 54 gestaucht niedrig und gibt hierfür den Koppelungswert *n* = 5 an. Nach meinen Berechnungen entsprechen diese Zahlenverhältnisse einem Austauschwert von etwa 20 %. Daß der Höhenfaktor zwischen den Faktoren für Dichte und Grannenlänge liegt, ergibt sich aus weiteren Analysen v. UBISCHS, durch die eine ganz enge Koppelung zwischen Höhe und Grannenlänge nachgewiesen wird. — Eine Koppelung zwischen dem Bespelzungsfaktor (*S-s*) und einem Faktor, der die Verteilung der Haare auf der Außenspelze bedingt, hat HOR (25) gefunden. Der Austauschwert beträgt 23,58 %. Auf welcher Seite von *S* dieser Faktor aber liegt, ist noch nicht zu entscheiden. — Die vorläufige Anordnung der Faktoren in dieser Koppelungsgruppe ist aus Abb. 3 zu ersehen.

Koppelungsgruppe IV.

Die Koppelungsgruppe IV umfaßt zwei Chlorophyllfaktoren, *Xantha* und *Albina*, und den Kapuzefaktor (*K*). Daß diese Faktoren eine selbständige Koppelungsgruppe bilden, geht daraus hervor, daß sowohl der Kapuzefaktor als auch der *Albina*-Faktor mit Faktoren aus den Koppelungsgruppen I—III freie Spaltung zeigen. Die Faktoren *Xantha* und *Albina* sind eng gekoppelt (12,5 % Austausch). Die Reihenfolge der Faktoren im Chromosom kann aber erst nach Analyse der Kreuzung Kapuze \times *Xantha* festgelegt werden. Die mögliche Anordnung zeigt Abb. 4.

Koppelungsgruppe V (?)

Die umfangreichen Untersuchungen NILSSON-EHLES (42) und HALLOQUISTS (15) mit Chlorophyllmutanten haben eine Koppelung *Albina*₄-*Chlorina*-*Albina*₃ ergeben. Die Reihenfolge und die Austauschwerte für diese Faktoren sind aus Abb. 5 zu ersehen. Da diese Chlorophyllmutanten noch nicht in Kreuzungen mit Faktoren aus den Koppelungsgruppen I—IV geprüft

Abb. 5.
Koppelungsgruppe V (?)

worden sind, ist es sehr fraglich, ob sie eine selbständige Koppelungsgruppe bilden oder ob sie einer der vier ersten Gruppen eingeordnet werden müssen. —

Wenn auch die hier skizzierte Chromosomenkarte noch recht lückenhaft ist, und viele Fragen ihrer Lösung harren, so gibt sie doch wohl zunächst einen orientierenden Überblick über die bis jetzt vorliegenden Ergebnisse der Faktoren und Koppelungsanalysen und einen Hinweis, wo künftige Arbeiten einzusetzen haben, um die bestehenden Lücken auszufüllen. — Als sicher festgestellt sind bis jetzt vier Koppelungs-

gruppen, während bei der fünften noch die Analysen mit Faktoren aus den anderen Gruppen ausstehen, so daß über ihren selbständigen Charakter oder ihre Zugehörigkeit zu einer anderen Gruppe noch nichts ausgesagt werden kann. — Für einige Faktoren, wie Färbung der Aleuronschicht, Färbung der Blattöhrchen, Verzweigung der Ähren und Form der Klappen liegen noch zu wenig Untersuchungen vor, um sie schon jetzt lokalisieren zu können.

(Die Literaturhinweise beziehen sich auf die in dem Sammelreferat „Die Genetik der Gerste“ enthaltene Literaturliste. „Der Züchter“ II, 2).

(Aus dem Kaiser Wilhelm-Institut für Züchtungsforschung, Müncheberg i. M.)

Die Backfähigkeit der Weizen und ihre Verbesserung durch Züchtung.

Von R. SCHICK.

Die verschiedenen Weizenanbaugebiete der Erde liefern heute Weizen, die von den Gewerben, die Weizen verarbeiten, infolge ihrer verschiedenen Qualität außerordentlich verschieden bewertet werden. Die Frage, worauf diese Qualitätsunterschiede zurückzuführen sind, hat in den letzten Jahren immer mehr das Interesse aller Weizenproduzenten erregt. Die Einfuhr überseischer Weizen nach Mitteleuropa, insbesondere nach Deutschland, wird heute allgemein damit begründet, daß, ganz abgesehen von den in Mitteleuropa fehlenden Mengen, die Qualität der mitteleuropäischen Weizen nicht ausreicht, um ein den Ansprüchen der Verbraucher genügendes Gebäck zu bereiten und daß diese Weizen erst nach einem etwa 20% betragenden Zusatz guter amerikanischer Weizen ein Mehl der geforderten Qualität ergeben. Man nimmt also an, daß *alle* unsere Weizen eine so schlechte Qualität haben, daß sie *allein* kein gut backfähiges Mehl ergeben. Sollte dies tatsächlich der Fall sein, so ergibt sich die Frage, ob in unserem Klima auf keinen Fall gut backfähige Weizen generiert werden können, ob nicht vielleicht doch durch Züchtung solche Formen zu schaffen sind.

Wir wollen im nachfolgenden darstellen, wie sich unsere heute angebauten Weizen in bezug auf die Backfähigkeit verhalten und wie weit nach den bisherigen Versuchen mit einem Erfolg einer Selektion auf Backfähigkeit zu rechnen ist.

Der Begriff der Backfähigkeit und ihre Bestimmung.

Der Begriff der Backfähigkeit ist keineswegs fest umrissen. Er ist ein Sammelbegriff, dessen Einzelzüge von den verschiedenen Autoren und

in den verschiedenen Ländern durchaus verschieden gewertet werden. M. P. NEUMANN versteht unter Backfähigkeit „das Gesamtverhalten eines Mehles im Backprozeß“ und verlangt von einem guten Mehl, daß es sich einwandfrei verarbeitet, ausreichende Teig- und Brotausbeuten und ein in Krume und Kruste fehlerloses Gebäck ergibt. Auf die von anderer Seite gemachten Versuche den Begriff der Backfähigkeit weiter zu zergliedern, brauchen wir hier nicht einzugehen, sondern wollen unseren Betrachtungen die von NEUMANN gegebene Definition zugrunde legen.

Bei der Bestimmung der Backfähigkeit stehen sich zwei Ansichten gegenüber. Die einen meinen, daß nur der zunftgemäße, d. h. der im Rahmen der Praxis unter wissenschaftlicher Kontrolle ausgeführte Backversuch einwandfreie Ergebnisse liefern kann, die anderen, daß man nach im Laboratorium an kleinen Mengen gewonnenen Ergebnissen ebenso gut die Backfähigkeit beurteilen kann, weil die im praktischen Betrieb unvermeidlich größeren Versuchsfehler die übrigen Vorteile wieder aufheben. Tatsächlich werden heute an den Stellen, wo dauernd Backversuche in größerer Zahl notwendig sind, z. B. an den Versuchsstationen, die Backproben im Laboratorium mit kleinen Kastenbacken vorgenommen, während in den Fällen, in denen nur einmal eine beschränkte Anzahl von Weizensorten geprüft werden soll, diese Prüfungen meist in einer normalen Bäckerei vorgenommen werden.

Von den Schwierigkeiten, mit denen man beim Backversuch zu rechnen hat, will ich hier nur die wichtigsten nennen: Die unvermeidliche