

(Aus dem MAX-PLANCK-Institut für Züchtungsforschung Voldagsen)

Weitere cytologische Untersuchungen an Weizen-Quecken-Bastarden

Von ALMUTH OHLENDORF

(Mit 11 Abbildungen)

Einleitung

Die Bastardierung zwischen *Triticum aestivum* und *Agropyrum intermedium*, wie sie seit einigen Jahren im MAX-PLANCK-Institut für Züchtungsforschung Voldagsen durchgeführt wird, hat zur Aufgabe, die Möglichkeiten einer Übernahme von Merkmalen aus der Wildform in die Kulturform zu prüfen. Von praktischer Bedeutung ist dabei vor allem die umfassende Resistenz der Quecke gegen die Getreidepilzkrankheiten. In einer Reihe von Veröffentlichungen sind die Schwierigkeiten der Kombination, die auf der Nichtverwandtschaft der beiden Gattungen beruhen, ausführlich dargestellt (Sammelreferate bei ZIZIN 1941 und SMITH D. C., 1942). In den letzten Jahren mehren sich die Berichte über die Herstellung von Amphidiploiden und konstanten Linien, deren Brauchbarkeit in der Praxis von verschiedenen Untersuchern diskutiert wird (ZIZIN 1937, 1941, SUNESON und POPE 1946, SAUNDERS und LAUBSCHER 1945, ARMSTRONG und STEVENSON 1947). Über das in Voldagsen hergestellte Material wurde bereits in einer früheren Arbeit berichtet (OHLENDORF 1952). Es konnten Bastarde mit verschiedener chromosomaler Zusammensetzung isoliert werden, deren Entwicklung und Stabilisierung zu fertilen Formen in der vorliegenden Arbeit ergänzend behandelt werden soll. Besonderer Wert wurde auf die Ergebnisse der Versuche gelegt, geeignete Weizen mit einzelnen Quecken-Merkmalen auszulesen, vor allem durch erneute Rückkreuzung der konstanten Formen mit dem Weizenelter.

Die Bearbeitung des Materials geht von dem schon früher (OHLENDORF 1952) erörterten Grundgedanken aus, daß für die Entwicklung fertiler Bastardfamilien die chromosomale Zusammensetzung eine wesentliche Rolle spielt. Entscheidend ist dabei die Art und Herkunft der Chromosomen, die der F_1 -Gamet zum Aufbau der F'_2 -Pflanze mitbringt. Da die F'_2 -Pflanze nur aus Rückkreuzung der F_1 (*Triticum aestivum* × *Agropyrum intermedium*) mit dem Weizenelter entsteht, kann an der $2n$ -Zahl und Chromosomenpaarung der F'_2 abgelesen werden, ob der F_1 -Gamet eine Meiosis durchlaufen hat oder unreduziert die chromosomalen Komponenten beider Eltern enthielt. Die Bedeutung der Meiosispassage muß betont werden, da nur durch den Vorgang der Paarung und Chiasmenbildung zwischen den Chromosomen Stücke aus *Agropyrum* an *Triticum*-Chromosomen angeheftet, transloziert, werden können, und nur auf diese Weise eine dauerhafte Übertragung von *Agropyrum*-Genen in die Genome des Weizens stattfinden kann.

Die unreduzierten F_1 -Gameten dagegen tragen lediglich zu einer Addition ganzer *Agropyrum*-Chromosomen bei, die unter normalen Bedingungen keinen näheren Kontakt zu dem Chromosomenbestand der anderen Art finden.

Ein kurzer Überblick über die bisher cytologisch untersuchten F'_2 -Pflanzen aus verschiedenen Jahren (Tab. 1) zeigt die Verteilung der $2n$ -Zahlen $2n = 41$ bis 63 und die Streubreiten der Anzahlen an Pollenmutterzellen mit 10–28 Chromosomenpaaren. Auf Grund der Paarungsverhältnisse kann die Entstehung der 60–63-chromosomigen Pflanzen auf unreduzierte F_1 -Eizellen zurückgeführt werden, während die nur höchstens 21^{II} bildenden Pflanzen aus reduzierten F_1 -Gameten stammen müssen. Die Unvollständigkeit der Genome in den Pflanzen mit $2n = 41$ –59 wirkt sich aber so störend auf die Fertilität aus, daß

Tab. 1. *Triticum* × *Agropyrum* F'_2 . Pflanzen geordnet nach $2n$ -Zahl, Fertilität und Anzahl der Chromosomenpaare.

Chromosomenpaare	10–18 ^{II}	14–21 ^{II}	18–25 ^{II}	20–28 ^{II}	Summe	
	+ ± –	+ ± –	+ ± –	+ ± –	+ ± –	
$2n = 63$			2 3	3	5 3	8
60–62			7 4		7 4	11
53–59		3 3	1 1		1 4 3	8
41–50	14				14	14
					13 11 17	41

unter den gefundenen 22 Pflanzen nur 5 für den weiteren Nachbau geeignet sind. Aus zwei von diesen Pflanzen wurden die Linien TA 15 und TA 23 entwickelt, über die im folgenden berichtet werden soll (die drei restlichen Pflanzen sind erstmalig im Herbst 1954 als F'_3 ausgelegt worden).

Als Beispiel für die Stabilisierung der Nachkommen aus unreduzierten Gameten soll an Hand der Folgegenerationen aus einer von den 19 Pflanzen dieser Vorgang demonstriert werden (TA 25).

I. Nachkommen aus reduzierten Gameten

Die F'_2 -Mutterpflanze der Linie TA 15 stammt aus der Kombination [(*Triticum aestivum* Carsten V × *Agropyrum intermedium*) × Carsten V] = 1949 F'_2 Nr. 49, K 77 $2n$ -Zahl = 53.

Die Untersuchungen an dieser Pflanze und ihren Nachkommen in F'_3 und F'_4 wurden in einer früheren Arbeit (OHLENDORF 1952) beschrieben. Es handelte sich dabei hauptsächlich um die Kontrolle der chromosomalen Verhältnisse in den jungen Generationen, die eine wesentliche Ursache für die starken Fertilitätsstörungen und die Aufspaltung der morphologischen Merkmale sind. Auf Grund dieser Untersuchungen kann jetzt angenommen werden, daß ein Teil der *Triticum aestivum*-Chromosomenpaare aus der F'_2 -Pflanze unverändert in den nachfolgenden Generationen erhalten bleibt, während die Chromosomen, die in F'_2 ohne Partner waren, ganz willkürlich verteilt und weitergegeben werden. Noch in F'_4 ist diese Regulierung der $2n$ -Zahl nicht abgeschlossen. Da nun dieser Grundbestand an *Triticum aestivum*-Chromosomen nicht einem normalen *Triticum aestivum*-Chromosomensatz entspricht, sondern immer kleiner sein muß, (in diesem Fall 18–19^{II} Bivalente), bestehen

theoretisch zahlreiche Möglichkeiten der Ergänzung und Neukombination der veränderten Genome mit ganzen Chromosomen oder Chromosomenstücken der eingekreuzten Wildart. Es schien deshalb interessant, einige der cytologisch bekannten F'_4 -Familien nachzubauen, um den Stabilisierungsvorgang und die Konstanz der künstlichen Chromosomensätze über mehrere Jahre hin zu verfolgen.

1953 standen die Nachkommen dieser Familie TA 15 in F'_7 . Insgesamt waren 10 Gruppen einzelpflanzenweise weitergezogen und mit den Nummern I, II, IIa, III, IV, IVa, IVb, V, VII, und VIIa benannt (von OHLENDORF 1952 beschrieben bis auf IIa, IVa, IVb und VIIa). Diese Gruppen gehen ursprünglich auf die fertilsten Pflanzen zurück, die unter den 50 Pflanzen der F'_3 gefunden wurden, wobei I bis III die mehr *Triticum*-, IV bis VII die mehr *Agropyrum*-ähnlichen Typen umfassen (Abb. 1b).

Die cytologische und morphologische Kontrolle bis in die 7. Generation hatte zusammenfassend folgendes

auch bei den älteren konstanten Bastarden mit $2n = 56$ erreicht wurden. Auch im Habitus läßt sich eine gewisse Ähnlichkeit mit dem bisher bekannten 56-chromosomigen Material feststellen: die im Verhältnis zum Weizen langsame Entwicklung, starke Nachschosserbildung, Resistenz gegen Pilzkrankheiten und vor allem die schmale, lockere, häufig auch brüchige Ähre (Abb. 1f.). Durch die Analyse von Test- F_1 -Pflanzen aus der Kreuzung TA 15 IV \times Ca V wurde bestätigt, daß die im Bastard vorhandenen *Triticum*-Chromosomen nicht mehr vollständig denen des *Triticum aestivum*-Elters entsprechen. Es werden im Durchschnitt nur 19–20 Paare gebildet, an denen etwa 20% Multivalente beteiligt sind (1 IV gewertet als 2 II).

	PMZ	Chromosomenpaare					Multivalente		
		17	18	19	20	21	III	IV	III + IV
Test F_1 54,									
K 262 3 Pfl.	103	1	10	24	64	4	5	16	1

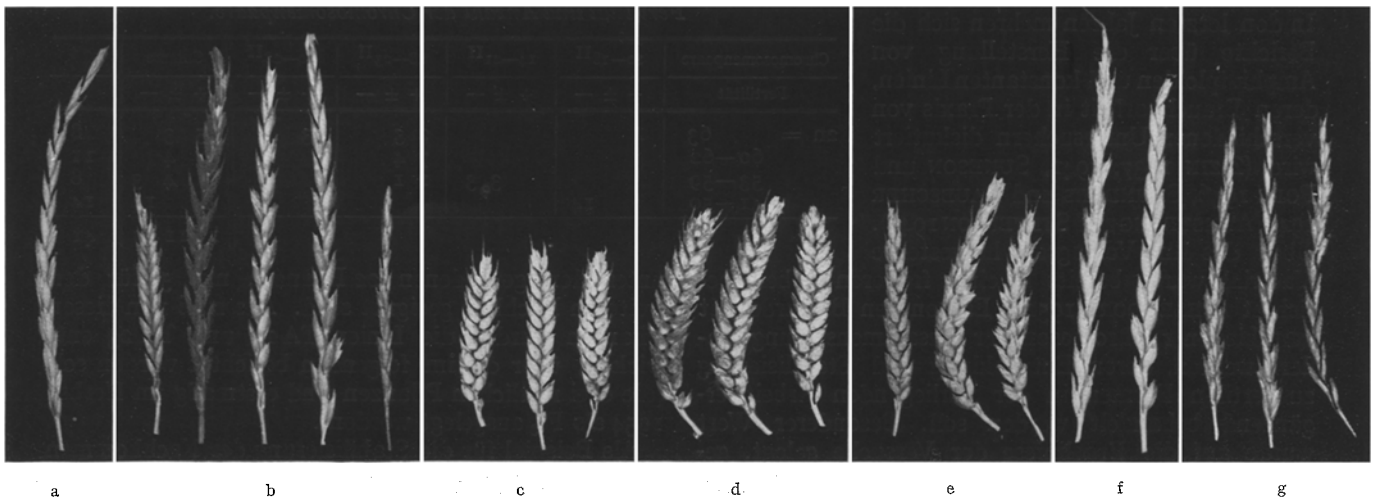


Abb. 1. TA 15. a) F'_2 ; b) F'_3 ; c–g Familien in F'_7 ; c) I; d) IIa; e) III; f) IV; g) VIIb.

Ergebnis: Es besteht die Tendenz, daß die Chromosomenzahlen sich entweder auf $2n = 42$ oder auf $2n = 54–56$ stabilisieren. Ist diese untere bzw. obere Grenze einmal erreicht, dann sind für alle Nachkommen keine größeren Schwankungen der $2n$ -Zahl mehr zu erwarten. Gleichzeitig mit der Stabilisierung der chromosomalen Verhältnisse werden die einzelnen Familien morphologisch einheitlicher, und zwar deutlich mehr weizenähnlich bei $2n$ um 42 und queckenähnlich bei $2n$ um 56. Auch die Fertilität erfährt dadurch eine bedeutende Verbesserung, ganz im Gegensatz zu den Gruppen mit $2n$ -Zahlen zwischen 44 und 52, die auch meistens stark in ihrer Vitalität gestört sind.

Gruppe IV bis VII. $2n = 54–56$.

Die Gruppen stammen aus den F'_3 -Pflanzen mit hohen $2n$ -Zahlen, die schon sehr bald in F'_4 und F'_5 zu $2n = 56$ (bzw. 54) aufregulierten und diese Anzahl regelmäßig an die Nachkommen weitergaben. Es treten allerdings immer noch Pflanzen mit $2n = 55$ auf, die aber morphologisch und in der Fertilität nicht von den übrigen zu unterscheiden sind. In ihren Bindungsverhältnissen: 26–27 Chromosomenpaare je Pollenmutterzelle, entsprechen sie etwa den Werten, die

Gruppe VIIb. $2n = 44$.

In dieser Gruppe ist Ansatz und Qualität der Körner sehr schlecht, die Pflanzen entwickeln sich nur kümmerlich, und Anomalien der Ährchenachse verbilden die ganze Ähre. Trotzdem läßt sie sich mit einiger Sorgfalt erhalten und ist in diesen Eigenschaften konstant seit F'_4 (Abb. 1g). Entsprechende Gruppen VIII, IX und X sind nicht über die F'_4 hinaus weitergeführt worden.

Gruppe I–III. $2n$ um 42.

Es wäre zu erwarten, daß die auf 42 abregulierten bzw. stabilisierten Pflanzen auch wieder Ähnlichkeit mit ihrer *Triticum aestivum*-Elternform Carsten V gewonnen hätten, da die *Agropyrum*-Elemente, die in den höherchromosomigen Familien so stark zur Ausprägung kommen, hier zum großen Teil weggefallen sind. Doch scheint es so, als ob Ca V durch die Passage der F_1 und F'_2 mehr oder weniger starke Veränderungen erlitten hat, die die Ausbildung typischer Ca V-Merkmale (kurze, dichte eiförmige Ähre, Blatthaltung) beeinträchtigen. Die in der Familie TA 15 isolierten 4 Gruppen mit $2n$ um 42 sind auch untereinander recht unähnlich.

Gruppe I zeigt im Ährentyp noch relativ starke Ähnlichkeit zu Ca V (Abb. 1c), jedoch sind die Pflanzen

etwas schwächlich und niedrigwüchsig; die Konstanz dieser Formen ist erreicht. Auffallend ist die Winterfestigkeit, die unter den besonders harten Bedingungen des Winters 1953/54 besser war als die des Carsten-Elters selbst: Ca V 0,5 — 1,1% Überlebende
 TA 15 III 57,0 — 80,0% „

Die Gruppe II überrascht im Vergleich zu Carsten V durch sehr veränderten Wuchs (z. T. besonders langer Halm) und eine abweichende Ährenform. Es konnten sowohl begrannete Pflanzen als auch *aestivum*-ähnliche lang-lockere und solche mit Ährchenanomalien isoliert werden. Die Pflanzen sind überaus kräftig und sehr gut fertil. Die Frage bleibt offen, welche Vorgänge zu der Entwicklung dieses Endstadiums beigetragen haben.

Auch in Gruppe IIa sind sehr verschiedene sowohl Ca V-ähnliche als auch von Ca V abweichende Linien konstant erhalten worden, von denen einige besondere

Tabelle 2. TA 15 IIa. Aufspaltung des Merkmals Behaarung der Spelze. b = behaart, ub = unbehaart, vz b = vereinzelt Pflanzen mit behaarten Spelzen.

Triticum aestivum Ca V ub × *Agropyrum trichophorum* b

F₁ b × Ca V ub

F₂ ub

F₃ 46 Pfl. ub + 1 Pfl. schwach b

F₄ 1 Pfl. schwach b

F₅ 22 Pfl. ub 46 Pfl. b

F₆ 15 Parz. ub 4 Parz. ub(vz. b) + 24 Parz. ub/b + 4 Parz. b(vz. ub) + 2 Parz. b

F₇ konstant ub schwach b schwach b+b b b

Beachtung verdienen. Hier bestand nämlich die Möglichkeit, mit einem morphologischen Merkmal der Quecke zu arbeiten, welches leichter zu analysieren ist als die bisher bekannten physiologischen Merkmale der Krankheitsresistenz oder des Perennierens. Es handelt sich um die Behaarung der Spelzen, die aus dem *Agropyrum*-Elter der Familie TA 15 *Agropyrum intermedium* var. *trichophorum* stammen kann. Um zu prüfen, ob eine Übertragung der *Agropyrum*-Eigenschaft auf den *Triticum*-Elter möglich ist, wurden alle Pflanzen ausgelesen, welche die typischen Merkmale der Ca V-Ähre mit Spelzenbehaarung vereinigten. Die Selektion von rein weißen, unbegranneten Ähren mit Behaarung wurde dadurch erschwert, daß die Gruppe IIa auch in anderen Ährenmerkmalen, wie Spelzenfarbe und Begrannung, spaltete. Trotzdem gelang es, einige Einzelpflanzennachkommenschaften mit behaarten Pflanzen zu isolieren, wobei auf die Unterschiede in der Stärke der Behaarung zunächst kein Wert gelegt wurde (Tab. 2, Abb. 1d.). Das Merkmal war in F₁ vorhanden, in F₂ wurde es auf Grund der Rückkreuzung mit dem unbehaarten Carsten V-Elter unterdrückt. In der F₃ war unter 47 Pflanzen nur eine schwach behaart. Diese hatte so wenig Ansatz, daß in F₄ wieder nur eine einzige Pflanze großgezogen werden konnte. Unter den 68 Nachkommen dieser Pflanze waren 46 behaart. Die F₆-Parzellen spalteten in unterschiedlicher Weise, wurden aber im einzelnen nicht genau ausgezählt. Die Nachkommen aus unbehaarten Pflanzen blieben konstant unbehaart. Die aus den spaltenden Parzellen ausgelesenen behaarten Pflanzen gaben in der F₇ in bezug auf dieses Merkmal konstante Nachkommen.

Aus diesen Unterlagen allein ist die Ursache dieser Aufspaltung nicht zu erklären. Die cytologische Analyse ergab, daß von 5 behaarten Pflanzen, die in F₆ 44-chromosomig waren, fast alle Nachkommen die überzähligen Chromosomen ganz oder teilweise eliminiert hatten (Tab. 3. 2n = 43; 42 + 1 — 2 kleine, 42). Durch den Verlust von Chromosomen war keine Änderung des Behaarungsmerkmals zu finden. Die Test-Rückkreuzungen der F₆-Pflanzen waren ohne Schwierigkeiten in der Kreuzbarkeit durchzuführen, und alle cytologisch kontrollierten Test-F₇-Pflanzen hatten 42 Chromosomen mit 21 normalen Bivalenten ohne Multivalentbildung (Tab. 3). Cytologisch war also keine Differenz zwischen dem behaarten Ca V-Typ der Bastardfamilie und dem ursprünglichen Ca V-Sortentyp festzustellen, da eine grob sichtbare strukturelle Veränderung der Chromosomensubstanz nicht nachweisbar ist. Es besteht aber die Möglichkeit, daß

ein Austausch zwischen einem Weizen- und einem Queckenchromosom mit dem Genbezirk, der dies markante Merkmal trägt, stattgefunden hat, ohne daß dadurch Fertilität und Vitalität der Nachkommen beeinflußt wurden.

Ähnlich wie in Gruppe I enthält Gruppe III mehrere relativ schwachwüchsige Familien, deren Ähren, in einigen Linien begrannt, Ca V nicht gleich-

chen (Abb. 1e.). Eine fertile Linie mit der 2n-Zahl 40 (19 Bivalente) konnte konstant erhalten werden. Nach der Vorstellung, die über die chromosomale Zusammensetzung der Pflanzen der TA 15-Familien entwickelt wurde, müßte Gruppe III die Zahl an Weizenchromosomen, die allen Gruppen aus TA 15 gemeinsam ist, ent-

Tabelle 3. TA 15 IIa. 2n-Zahlen und Chromosomenpaarung der Pflanzen in F₆ und F₇ und in der Test F₁.

	Nr.	Σ Pfl.	2n	Bivalente	Multivalente
F ₆	52, 664/1	1	44	22	
F ₇	53, 915	6	42	21	
Test F ₁	53, 917	4	42	21	IV
F ₆	52, 656/2	1	44	21 — 22	
F ₇	53, 920	1	44	21	III
		3	43	21	
Test F ₁	53, K 93	4	42	21	IV
		4	42	21	
F ₆	52, 655/2	1	44	21	III
F ₇	53, 927	1	42 + 2	21	
		7	42	21	
Test F ₁	53, K 92	5	42	21	
F ₆	52, 681/3	1	44	21	III, IV
F ₇	53, 937	2	43	21	III + IV
		1	42 + 1	21	
Test F ₁	53, K 97	1	42	21	
		2	42	21	
F ₆	52, 658/3	1	42	21	
F ₇	53, 940	2	42	21	
Test F ₁	53, K 95	1	42	21	
F ₆	52, 674/3	1	44	22	
F ₇	53, 926	2	42 + 1 — 2	21	
		1	42	21	

halten. Die beiden nicht paarenden Chromosomen, die außer den 19 Bivalenten vorhanden sind, können entweder auch *Triticum*- oder aber *Agropyrum*-Chromosomen sein. Um diese Frage zu klären, die die Hypothese der Substitution von Chromosomen in Familien wie TA 15 bestärken kann, war gerade die Gruppe III mit ihrer übersichtlichen Chromosomenzusammensetzung besonders geeignet.

Die TA 15 III-Bastardlinie wurde sowohl mit Ca V, als auch mit einer nullisomen Linie aus TA 7 ($2n = 40, 19^{II}$) reziprok gekreuzt. Diese TA 7-Linie 1952 in F'_5 , stammt aus der Ausgangskreuzung (Salzmünder Standard \times *Agropyrum intermedium*) \times Criewener 192 und unterscheidet sich in Wuchs und Ährenform von der TA 15 III-Linie. An Hand von Tab. 4 sollen die Kreuzungsergebnisse demonstriert werden.

Tabelle 4. TA 15 \times TA 7 ($2n = 40 \times 40$). $2n$ -Zahlen, Chromosomenpaarung und Fertilität in verschiedenen Kreuzungskombinationen.

	Σ Pfl.	$2n$	Bivalente	Multivalente	Fertilität Korn/Ähre
TA 15 \times 15	1	39 + 1	18 — 19	I \times 18 ^{II} + I ^{III}	13
	12	40	19		12 — 20
	4	41	20		8 — 17
TA 7 \times 7	4	40	19 — 20		4 — 12
	2	40 + 1	19 — 20		4 — 12
	2	41	20		9 — 13
	3	42	21		15 — 16
TA 15 \times Ca V	6	40	18 — 19		11 — 28
	3	41	19 u. 20		13 — 20
	1	42	19 — 20		18
Ca V \times TA 15	—				—
TA 7 \times Criew. 192 Criew. 192 \times TA 7	1	42	20 — 21		5
	1	42	21		12
TA 15 \times 7	1	38	18	III, IV, IV, R	15
	3	40	18 — 19		18 — 23
TA 7 \times 15	2	41	19	I \times 18 ^{II} + I ^{IV}	5 — 7
	5	42	20		8 — 13
	51				

1. Nachkommen aus Selbstung. In TA 15 III waren von 17 cytologisch untersuchten Pflanzen der Nachkommenschaft einer F'_5 -Pflanze 13 Pflanzen wieder 40-chromosomig mit 19^{II}, vier, die durch dichtere Ähre und kräftigere Bestockung auffielen, waren $2n = 41$ mit 20^{II}. Pflanzen mit $2n = 42$ wurden nicht gefunden. Bei TA 7 dagegen gibt es unter den 11 kontrollierten Pflanzen alle $2n$ -Zahlen: 40, 41, 42, die auf Grund der Chromosomenkonstitution der Mutterpflanze $2n = 40, 19^{II} + 2^I$, erwartet werden können. Es unterscheiden sich diese TA 15- und TA 7-Familien anscheinend auch in der Ausbildung oder Funktionsfähigkeit ihrer Gameten.

2. Nachkommen aus der Kombination mit *Triticum aestivum*. Die Kreuzung von TA 15 III mit Ca V konnte nur in einer Richtung hergestellt werden (TA 15 \times Ca). Ebenso wie bei der Selbstungsnachkommenschaft sind auch hier die Pflanzen mit niedrigen $2n$ -Zahlen häufiger: 6 Pfl. $2n = 40$, 3 Pfl. $2n = 41$, 1 Pfl. $2n = 42$. Dabei unterscheiden sich die aus verschiedenen Gameten entstandenen F_1 -Pflanzen auch morphologisch, alle $2n = 41$ sind deutlich kräftiger als die 40-chromosomigen. Es muß nun besonders betont werden, daß bei der einzigen 42-chromosomigen Pflanze keine vollständige Paarung aller Chromosomen mit denen der Sorte Ca V stattfindet. Die aus der Kreuzung der TA

7-Linie mit ihrer Elternsorte Criewener 192 entstandene F_1 war äußerlich sehr einheitlich. Unterschiede bestanden jedoch in der Wüchsigkeit und der Fertilität, je nachdem, ob die 40-chromosomige oder die *Triticum aestivum*-Sorte Mutter gewesen war. Je eine typische Pflanze aus beiden Gruppen wurde cytologisch untersucht, mit dem Erfolg, daß ein Einfluß der jeweiligen Mutterpflanze auf die Paarung der Chromosomen festgestellt werden konnte. In der Criewener 192 \times TA 7-Kombination wurden regelmäßig 21 Bivalente gezählt, während in der reziproken F_1 ebensoviel PMZ mit 20 wie mit 21^{II} nachgewiesen werden konnten.

3. Nachkommen aus TA 7 \times TA 15 und TA 15 \times TA 7. Der Unterschied zwischen den F_1 -Pflanzen der beiden Kombinationen ist sowohl morphologisch wie

cytologisch ausgeprägt. Pflanzen aus TA 7 \times TA 15 entwickeln eine stärkere Wüchsigkeit, aber schlechtere Fertilität als die der reziproken Kreuzung. Charakteristisch ist die Verteilung der Chromosomenpaare, die, je nachdem welche Linie Mutter war, 38—40 oder 41—42 betragen. Die Paarungsverhältnisse entsprechen den $2n$ -Zahlen, außerdem wurden relativ häufig Multivalente gefunden.

Aus diesen Kreuzungsergebnissen läßt sich also schließen, daß es Differenzen zwischen den beiden 40-chromosomigen Linien gibt, die Gametenbildung und Paarungsverhalten der Chromosomen in der Test- F_1 beeinflussen. Wenn man alle 51 cytologisch untersuchten Pflanzen daraufhin prüft, mit welcher n -Zahl der weibliche Gamet an der Bildung

der F_1 -Zygote beteiligt war, zeigt sich, daß der Prozentsatz an niedrigchromosomigen Gameten ($n=19$) in TA 15 wesentlich höher ist als der der „normalen“ $n = 21$ -Gameten, während in der TA 7-Linie umgekehrt die Neigung besteht, höherchromosomige Eizellen zu bilden.

	TA 15		TA 7	
$n=21$	1	3,2%	9	47,4%
20	8	25,8%	6	31,4%
19	22	71,0%	4	21,2%
	31	100	19	100

Aus Untersuchungen an anderem Material (SEARS 1953, O'MARA 1950) ist bekannt, daß die Funktionsfähigkeit der weiblichen Gameten durch eine Abänderung der Chromosomenzahl nicht so sehr beeinträchtigt wird wie die der männlichen Gameten. Es ist also anzunehmen, daß der Pollen überwiegend $n = 21$ enthält. So wären die Schwankungen, die in den einzelnen Gruppen die $2n$ -Zahl betreffen, durchweg auf die Chromosomenzahl der Eizelle zurückzuführen. Daraus erklärt sich, daß in der Linie TA 15 bei Selbstung, und in der Kombination mit Ca V und TA 7, nur selten 42-chromosomige Pflanzen gefunden wurden, die einen wichtigen Hinweis auf die Zusammen-

Tabelle 5. TA 15 × TA 7 (2n = 40 × 40). Häufigkeit der Pflanzen mit verschiedener chromosomaler Zusammensetzung in den Kreuzungskombinationen unter Berücksichtigung der Substitution eines *Agropyrum*-Chromosoms.

	TA 15			TA 7			<i>Triticum aestivum</i>		
	2n	17 + a b c x Paare	% Pfl.	2n	17 + a b c d Paare	% Pfl.	2n	17 + a b c d Paare	% Pfl.
TA 15 17 + a b	39 + 1	18 ^{II} - 19 ^{II}	76,4	38	18 ^{II}	25	40	19 ^{II} + 2 ^I	60
17 + a b + c	40	19 ^{II} + 2 ^I		40	19 ^{II} + 2 ^I	75	41	19 ^{II} + 1 ^I	30
17 + a b + x	41	20 ^{II} + 1 ^I	23,6	41	20 ^{II} + 1 ^I	—	41	19 ^{II} + 1 ^I	
17 + a b + cx	41	20 ^{II} + 1 ^I		41	19 ^{II} + 3 ^I	—	41	19 ^{II} + 1 ^I	
	42	21 ^{II}	—	42	20 ^{II} + 1 ^I	—	42	20 ^{II} + 2 ^I	10
TA 7 17 + c d	40	18 ^{II} + 3 ^I	—	40	19 ^{II} + 2 ^I	36,4	40	19 ^{II} + 2 ^I	—
17 + c d + a	40 + 1	19 ^{II} - 20 ^{II}		40 + 1	19 ^{II} - 20 ^{II}	18,2	41	20 ^{II} + 1 ^I	—
17 + c d + b	41	19 ^{II} + 3 ^I	28,6	41	20 ^{II} + 1 ^I	18,2	41	20 ^{II} + 1 ^I	
17 + c d + ab	41	19 ^{II} + 3 ^I		41	20 ^{II} + 1 ^I		41	20 ^{II} + 1 ^I	
	42	20 ^{II} + 2 ^I	71,5	42	21 ^{II}	27,1	42	21 ^{II}	100
Tr. aest. 17 + a b c d	42	20 ^{II} + 2 ^I	—	42	21 ^{II}	100			

setzung der Chromosomen der TA 15-Linie geben können. Im Gegensatz zur 40-chromosomigen TA 7-Linie, bei der in jeder Kombination die 42-chromosomigen Pflanzen ein normales Paarungsverhalten, d. h. 21 Bivalente, geben, bilden diejenigen der TA 15-Linie nur 19-20 bzw. 20 Bivalente. In der Ta 15 III-Linie muß also ein Chromosom vorhanden sein, welches im *Triticum aestivum*-Chromosomensatz keinen entsprechenden Partner findet. Es ist denkbar, daß es sich hier um ein *Agropyrum*-Element handelt, welches morphologisch nicht zur Ausprägung kommt.

In der Tabelle 5 ist dieses Chromosom mit x vermerkt, während die übrigen von denen in TA 15 III und TA 7 2n = 40 je ein bzw. zwei fehlen, mit a, b, c und d bezeichnet sind. Auf Grund der vorangegangenen Überlegungen könnten die Chromosomenformeln in folgender Weise dargestellt werden:

$$\text{Ca V } \frac{17 + a b c d}{17 + a b c d} \quad \text{TA 15 III } 2n = 40 \frac{17 + a b c}{17 + a b x}$$

$$\text{TA 7 } 2n = 40 \frac{17 + a c d}{17 + b c d}$$

Tab. 5 zeigt die theoretische chromosomale Zusammensetzung der Gameten und deren Kombinationsmöglichkeiten. Die gefundenen Werte, dargestellt in Prozentzahlen, lassen sich ohne Schwierigkeiten in dieses Schema einordnen.

Schließlich mag noch erwähnt werden, daß Multivalentbildung nur in den Kombinationen vorkommt, an denen TA 15 III beteiligt ist. Dies ist ein weiterer Hinweis darauf, daß in der Familie TA 15 Translokationschromosomen vorhanden sind, die durch Austausch in F₁ entstanden sein können.

In den letzten Jahren konnte eine zweite Familie, die in ihrer Konstitution derjenigen von TA 15 entspricht, aufgezogen werden. Kreuzungskombination: (Ca V × *Agropyrum intermedium*) × Ca V = F₂ Nr. 52, K 207. Der Ansatz dieser F₂-Pflanze war sehr schlecht, und die Körner keimten nicht (8 Korn in 65 Ähren). Erst nach nochmaliger Rückkreuzung mit Ca V wurden lebensfähige Pflanzen erhalten (6 Korn aus 10 Ähren).

2n-Zahl und Chromosomenpaarung dieser F₂-Rückkreuzungspflanzen sind in Tab. 6 dargestellt, 2n = 45-50 mit durchschnittlich 19-20^{II}, entsprechend der F₂-Mutterpflanze. Die Fertilität war wieder sehr schlecht. Alle geernteten Körner wurden ausgelegt. Von insgesamt 27 F₂-Pflanzen hatten

10 Pflanzen	0%	Ansatz
7	1-10%	„
6	11-20%	„
4	20-40%	„

Tabelle 6. TA 23. 2n-Zahlen und Chromosomenpaarung in F₂ und F₃.

	Chromosomenpaare								Multivalente				Fertilität Korn/Ähre	
	2n	Σ PMZ	16	17	18	19	20	21	ΣM	III	IV	>	f	s
F ₂ 52, K 207	58	20	1	1	5	2	6	5	5	1	3	1		
F ₃ 53, K 196/1	45	12		3	2	6	1		8	8			0,0	0,6
	4	45	50	2	1	23	24		2	—	2		0,0	0,0
	2	47	50		2	8	37	3	11	7	2	2	0,0	0,0
	6	47	20			10	10		—	—	—		1,6	3,0
	3	50	50		1	12	31	6	2	1	1		0,4	—

Dieses Beispiel zeigt, wie schwierig es ist, in größerem Umfang lebensfähige Nachkommen aus F₂-Pflanzen zu ziehen, die aus reduzierten F₁-Gameten stammen.

Die mehrjährigen Beobachtungen an Nachkommen aus „Austausch“-F₂-Pflanzen haben zusammenfassend folgendes Resultat:

1. Die Stabilisierung der chromosomalen Verhältnisse kann für die meisten Familien in F₆ bis F₇ als abgeschlossen betrachtet werden. Haben die Chromosomenzahlen die 2n = 42- oder 2n = 56-Grenze erreicht, dann bleiben sie in den Folgegenerationen konstant. Die Pflanzen mit Zwischenzahlen (2n = 44-52) sind in ihrer Lebensfähigkeit stark geschwächt.

2. Die Linien mit 2n = 54-56 sind in ihrem Habitus den entsprechenden Additionsbastarden aus dem älteren Material sehr ähnlich.

3. Die Linien mit Chromosomenzahlen um 42 sind etwas verschieden von der *Triticum aestivum*-Elternform. Die Ursache dafür kann chromosomaler Art sein. Für die Familie IIa konnte ein Translokationschromosom aus *Triticum* und *Agropyrum* vermutet werden. In der Familie III wurde gezeigt, daß ein ganzes *Agropyrum*-Chromosom in den *Triticum*-Chromosomensatz eingebaut ist.

Tabelle 7. *IA 25. an-Zahlen, Chromosomenpaarung und Fertilität in F₂ - F₃ und Test F₁.*

F ₂	an	Σ PMZ	Chromosomenpaare (Bi- u. Multivalente)										Σ PMZ	Fertilität K/A								
			19	20	21	22	23	24	25	26	27	28			29	30						
50, 171/1	63	29	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	Σ PMZ	III	IV	Multivalente	>	M	Fertilität K/A	
50, 171/2	63	30	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	5	3	I	I			52%	
51, 1344/7	50 - 52	—	1	2	6	9	2	4	12	18	6				—	—	—	—	—	—	4	
51, 1346/10	52 + I	20	1	2	4	3	3	6	7	11	7	2			—	—	—	—	—	—	4	
51, 1344/4	56 + I	40	3	3	6	3	6	7	11	11	7	2			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1346/12	56	20	3	3	6	3	6	7	11	11	7	2			—	—	—	—	—	—	16	
51, 1344/8	57	50	3	3	6	3	6	7	11	11	7	2			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1344/2	58	12	2	2	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1344/3	58	50	2	2	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1344/6	59	50	2	2	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1346/14	59	50	2	2	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1344/3	60	50	3	3	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1344/5	60	40	3	3	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1344/6	62	50	3	3	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1344/5	63	50	3	3	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1346/11	64	50	3	3	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
51, 1346/15	72	50	3	3	6	4	3	2	4	7	4	3			—	—	—	—	—	—	14	
I	51, 1344/6	62	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	4	2	2	2	2	2	2	52%
I	52, 900/2	49 - 52	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	4	2	2	2	2	2	2	4
I	52, 10	52 - 54	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	2	2	2	2	2	2	2	4
I	52, 8	62	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	2	2	2	2	2	2	2	4
I	52, 8	65	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	2	2	2	2	2	2	2	4
II	51, 1344/10	—	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	6	2	4	4	4	4	4	9%
II	52, K 98/1	44 + I	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	4	2	4	4	4	4	4	2
II	52, 7	55	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	4	2	4	4	4	4	2	2
II	52, 2	57 + I	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	4	2	4	4	4	4	2	2
II	52, 10	58	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	3	2	4	4	4	4	2	2
III	51, 1346/5	60	3	3	6	6	8	10	4	4	10	3			—	—	—	—	—	—	—	wenig
III	52, 905/8	58	3	3	6	6	8	10	4	4	10	3			—	—	—	—	—	—	43	
III	52, 9	58	3	3	6	6	8	10	4	4	10	3			—	—	—	—	—	—	43	
III	52, 10	58 + I - 3	3	3	6	6	8	10	4	4	10	3			—	—	—	—	—	—	46	
III	52, 5	61	3	3	6	6	8	10	4	4	10	3			—	—	—	—	—	—	40	
III	52, 6	61	3	3	6	6	8	10	4	4	10	3			—	—	—	—	—	—	42	
III	52, 7	61 + I	3	3	6	6	8	10	4	4	10	3			—	—	—	—	—	—	24	
III	52, 12	61 + I	3	3	6	6	8	10	4	4	10	3			—	—	—	—	—	—	24	
III	52, 2	62	3	3	6	6	8	10	4	4	10	3			—	—	—	—	—	—	24	
IV	51, 1346/8	57	3	3	6	7	11	11	7	2					—	—	—	—	—	—	wenig	
IV	52, 907/4	46	3	3	6	7	11	11	7	2					—	—	—	—	—	—	7	
IV	52, 2	49	2	3	25	2									—	—	—	—	—	—	6	
IV	52, 10	52 (+I)	2	1	34	13	3	4	1	1					—	—	—	—	—	—	27	
IV	52, 6	53	10	10	10	10	3	4	1	1					—	—	—	—	—	—	36	
IV	52, 8	54 + I	10	10	10	10	3	4	1	1					—	—	—	—	—	—	18	
IV	52, 5	55	10	10	10	10	3	4	1	1					—	—	—	—	—	—	23	
IV	52, 3	57	10	10	10	10	3	4	1	1					—	—	—	—	—	—	9	

Gruppe	Identifikation	PMZ	2n	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	Fertilität K/Ä	wenig
V	51, 1346/14	59	59 (+1)	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I	17,4
	52, 908/10	55																> 20
	55	56																4,5
	58	58																14
	58	30																22
	59	30																10,8
	60	30																
	58	12																35%
	56	20																4
	56	30																11,8
58	20																0,8	
VI	51, 1344/2	58		I														
	52, 899/1	56																
	56	30																
	58	20																
	58	20																
	59	20																
	60	20																
	58	20																
	56	20																
	58	20																
F ₅		PMZ	2n	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31		
	I	50, K171/1	63															
		51, 1344/6	62															
		52, 900/8	65															
		53, K101/1	62															
		61	20															
		62	20															
		62	30															
		62	30															
		53	50															
× T.	52, 900/10	62																
	53, K102/10	59																
		60																
		60																
		61																
		61																
		62																
		62																
		49																
		49																
× T.	K113/4	4																
		4																
		4																
		4																
		4																
		4																
		4																
		4																
		4																
		4																
III	50, K171/2	63																
	51, 1346/5	60																
	52, 905/5	61																
	53, K105/6	58																
		60																
		60																
		60																
		60																
		60																
		60																
× T.	K116/3	3																
		3																
		3																
		3																
		3																
		3																
		3																
		3																
		3																
		3																
52, 905/6	52, 905/6	61																
	53, K106/1	60																
		60																
		61																
		61																
		62																
		50																
		50																
		51																

Tabelle 7. Fortsetzung.

F ₄	2n	Σ PMZ	Chromosomenpaare (Bi- u. Multivalente)										Σ PMZ	Multivalente III IV	Fertilität K/A		
			19	20	21	22	23	24	25	26	27	28				29	30
52, 905/7 53, K 107/1	6I	20															24,0
	55 + I	30															13,6
	55	—															25,2
	56	20															27,4
	56 + 2	20															27,2
	58 + 2	20															13,5
	59 + 3	10															20,2
	60	20															14,8
	48 + I	50															9,4
	49 + I	30															6,2
× T. K 118/4 5																	

II. Nachkommen aus unreduzierten Gameten

Gleichzeitig mit der Entwicklung und Beobachtung der Familie TA 15 wurden mehrere Nachkommenschaften aufgezogen, die sich aus 63-chromosomigen F₂-Pflanzen ableiteten. Es sollten zum Vergleich mit den Substitutionsformen der TA 15 die Entstehungs- und Stabilisierungsvorgänge in den Additionsbastarden, aus denen sich das ältere Material hauptsächlich zusammensetzt, in den Anfängen untersucht werden. Im folgenden wird eine kurze Beschreibung der Linie TA 25 gegeben, die aus einer Kreuzung mit demselben Weizenelter Ca V stammt und darum direkt zu TA 15 in Parallele zu setzen ist.

Ausgangskreuzung ist: (Ca V × *Agropyrum intermedium*) × Ca V = F₂ 50, K 171. Die 2n-Zahl der F₂ ist aus einem unreduzierten F₁-Gameten (n = 42) + einem Weizengameten (n = 21) zu erklären. Alle Chromosomenpaare, die über 21 hinaus liegen, müssen innerhalb der *Agropyrum*-Genome autosyndetisch gebildet sein. Ebenso ist es denkbar, daß auch Multivalente innerhalb der *Agropyrum*-Chromosomen entstehen können, wenn auch gelegentliche, sehr seltene Chiasmen zwischen den Chromosomen beider Arten nicht ausgeschlossen sind. Unter den 50 Pflanzen der F₂ ist die Variation an morphologischen Merkmalen wesentlich geringer als in der entsprechenden Generation aus TA 15 (von 50 Pflanzen sind nur 9 in der Ährenform abweichend vom allgemeinen

Typ). Zum Vergleich seien die Photos der beiden verschiedenen F₃-Gruppen angeführt (Abb. 1 und 2), in denen jede Ähre eine Pflanze repräsentiert.

Die 17 cytologisch untersuchten Pflanzen variieren in der 2n-Zahl von 52—72, wobei zunächst keine Beziehung zwischen 2n-Zahl und Morphologie der Pflanzen festzustellen ist. Die Anzahl der Chromosomenpaare liegt durchschnittlich zwischen 21 und 28, bewegt sich also im Bereich derjenigen der F₂-Pflanze (Tab. 7).

Ein langsamer Anstieg der Anzahl der Chromosomenpaare und auch der Multivalente mit erhöhter 2n-Zahl deutet eher auf mehrfach homologe *Agropyrum*-Chromosomen als auf Translokationschromosomen hin. Die Fertilität dieser Pflanzen ist noch relativ schlecht, wie in TA 15 finden wir nur einzelne Pflanzen, die einen Ansatzprozentsatz von 20—30% erreichen bzw. übersteigen.

Die 10 fertilsten Pflanzen wurden als F₄ weitergezogen (Tab. 7 und Abb. 2). Die Ährenformen bleiben denen der vorangegangenen Generationen sehr ähnlich: mittellang bis lang, locker, z. T. brüchig mit schmalen Spelzen. Lange Entwicklungszeit und späte Reife zeigen große Ähnlichkeit zu dem bisher vorhandenen und beschriebenen Weizenqueckenmaterial. Nur in einer Familie, TA 25 II, wurde eine sehr starke Aufspaltung in verschiedenen Ährenmerkmalen beobachtet, und in TA 25 VII waren die Ähren etwas dichter als in den übrigen Familien. Alle gelegentlich auftretenden Pflanzen mit etwas dichter oder schwächerer Ähre können auf Abregulierung der hohen F₃-Chromosomenzahlen zurückgeführt werden, wie z. B. in Nr. 52, K 98/1 2n = 44 + 1 (Abb. 2f). Bei den 6 cytologisch untersuchten Gruppen wird eine bedeutende Veränderung der 2n-Zahl nur in denen gefunden, die aus niedriger-chromosomigen F₃-Mutterpflanzen abgeleitet sind (Gruppe IV). Die Anzahl an Chromosomenpaaren bleibt in allen mehr als 56-chromosomigen Pflanzen zwischen 21 bis 28 erhalten, in Gruppe III wurden sogar bis 30 Paare gefunden. Eine im Verhältnis zur 2n-Zahl hohe Chromosomenpaarung scheint gute Fertilität zu bedingen.

Soweit es sich um Nachkommen aus F₃-Pflanzen handelt, die mehr als 56 Chromosomen haben, wird Konstanz schon in F₅ (bzw. in F₄) erreicht. Von Gruppe I und III wurden je 2 bzw. 3 F₄-Pflanzen in ihrer Nachkommenschaft cytologisch kontrolliert. Wie in Tab. 7 dargestellt ist, variieren in vier von fünf Familien die 2n-Zahlen kaum noch. Auch die Streubreite der Bivalentzahl hat wesentlich abgenommen, und in den meisten Pflanzen ist die höchstmögliche Paarung erreicht. Nur in wenigen Pflanzen wurden Multivalente gesehen.

Parallel zu den Nachkommen aus frei abgeblühten F₄-Pflanzen wurden diejenigen aus der Rückkreuzung der gleichen Pflanzen mit dem Weizenelter als Test-F₁ angebaut, (F₄ × Ca V) = Test-F₁. Die Ergebnisse der cytologischen Analyse dieser Test-F₁ bestätigen eindeutig die theoretische Vorstellung von dem chromosomalen Aufbau der Additionsbastarde: In allen Pflanzen werden durchschnittlich 21 Paare mit den Ca V-Chromosomen gebildet.

Die gelegentlich gefundenen 22 Bivalente können durch autosyndetische Paarung zwischen partnerlosen nicht oder nur teilweise homologen *Agropyrum*-Chromosomen verursacht sein. Von Bedeutung ist auch,

daß in keiner einzigen Pollenmutterzelle Multivalente gesehen wurden. Der Weizenchromosomenbestand der Sorte Ca V ist also trotz des Durchganges durch F_1 - bis F'_4 -Bastarde weder zahlenmäßig noch strukturell verändert. Elimination aller *Agropyrum*-Chromosomen in den Nachkommen dieser Rückkreuzungspflanzen könnte theoretisch wieder zum reinen Ausgangselter führen.

Additionsbastarde von der Art der TA 25 enthalten also außer dem vollständigen diploiden Chromosomen-

bei TA 7×9 zwischen 21 und 25 mit einem Durchschnittswert von 23–24, bei den Bastarden aus TA 9×6 zwischen 21 und 26 mit einem gesichert höheren Durchschnittswert bei 24–25 ($p = 1 \times 10^{-5}$). Der Prozentsatz an Pollenmutterzellen mit Multivalenten ist in beiden Gruppen etwa gleich.

2. Kombination Amphidiploid \times TA 9. Die amphidiploiden Pflanzen enthalten den verdoppelten Chromosomensatz der F_1 (*Triticum aestivum* Peragis \times *Agropyrum intermedium*). Noch im dritten Jahr nach



Abb. 2. TA 25. a) F'_4 ; b) F'_3 ; c–f Familien in F'_3 ; c) I; d) II; e) III; f) Abweicher aus II.

satz des Weizenelters noch zwei Genome aus *Agropyrum intermedium*. An drei verschiedenen Bastardkombinationen konnte geprüft werden, inwieweit eine Identität zwischen den addierten *Agropyrum*-Chromosomen besteht. (Tab. 8 und Abb. 3)

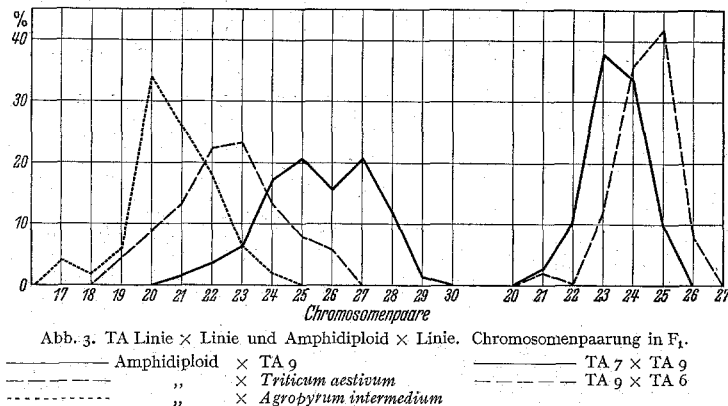
1. Kombination verschiedener 56-chromosomiger Bastardlinien. TA 6 (Salzmünder Standard \times *Agropyrum intermedium*) \times Heines Kolben; TA 7 und 9 (Salzmünder Standard \times *Agropyrum intermedium*) \times Crie-wener 192. Die Paarungswerte der F_1 -Bastarde liegen

der Colchizinierung (1950–1953) neigten sie stark zum Abregulieren der $2n$ -Zahl = 84. Die durchschnittliche Anzahl an Chromosomenpaaren ist 35–40, in etwa 10% der PMZ werden Multivalente gebildet. Die Bastarde mit TA 9 waren 70-chromosomig, in 140 PMZ lagen die Paarungswerte zwischen 21 und 28 mit dem Höchstwert von 25–26^{II} (im Vergleich zu TA 7×9 bzw. 9×6 gesichert verschieden $p = 0,0005$). Der Multivalentprozentsatz übertrifft den der ersten Kombination um etwa das Doppelte.

Tabelle 8. TA Linie \times Linie und Amphidiploid \times Linie. $2n$ -Zahlen und Chromosomenpaarung der F_1 -Bastarde.

	TA 7×9	TA 9×6	\times TA 9	Amphidiploide			\times <i>Agropyrum intermedium</i>
	53, K 60 + 62	K 63		\times TA 9	\times <i>Triticum aestivum</i>		
Kreuzungs Ansatz %	64,3	20,5	22,6	9,0	2,6	9,0	2,2
Σ Pflanzen	4	1	3	2	2	2	1
$2n$	56	56	70	58	59	60	61
Chromosomenpaare							
18							4
19					1		2
20					2	4,0	7,1
21	2,8	2,0	1,4	7	7,4	22,9	34
22	10,9	—	3,5	17	13,3	17,1	26
23	37,7	12,0	6,3	25	22,0	24,3	18
24	33,9	36,0	17,1	23	23,3	20,0	6
25	14,8	42,0	20,6	15	16,0	8,6	2
26		8,0	15,6	9	8,0		2
27			20,6		1	6,0	
28			12,8				
29			2,1				
Σ Multivalente	18,6	12,0	36,2	21,0	14,0	30,0	30,0
III	8,6	6,0	13,5	20,0	8,7	17,1	10,0
IV	7,2	4,0	13,5	—	2,6	2,9	12,0
2 M	2,8	2,0	9,2	1,0	2,6	10,0	8,0
Σ PMZ	210	50	140	100	150	70	50

3. Kombination Amphidiploid \times *Triticum aestivum* (Peragis). Der Bastard müßte $2n = 63$ Chromosomen enthalten (aus Amphidiploid-Gamet $n = 42 + \textit{Triticum aestivum}$ -Gamet $n = 21$). Anscheinend sind aber unter den Amphidiploiden Pflanzen für die Kreuzung ausgewählt worden, die weniger als 84-chromosomig waren, oder es sind Gameten mit $n < 42$ zur Befruch-



tung gekommen. Die F_1 -Pflanzen enthalten nur 58, 59 und 60 Chromosomen. Unter Vorbehalt können die Paarungswerte hier eingereiht werden: sie liegen zwischen 18 und 26, im Durchschnitt bei 21–23.

4. Kombination Amphidiploid \times *Agropyrum intermedium*. Auch dieser Bastard müßte $2n = 63$ sein, (aus Amphidiploid-Gamet $n = 42 + \textit{Agropyrum}$ -Gamet $n = 21$), es wurden aber nur $2n = 61$ gefunden. Die Erklärung dafür ist dieselbe wie in Kombination 3. Die Anzahl an Paaren reicht von 17–24, liegt im Durchschnitt bei 20 und ist damit also am niedrigsten von allen hier verglichenen Bastarden. Der Multivalentprozentatz entspricht demjenigen der Kombination mit *Triticum aestivum*.

Vergleicht man nun diese Kombinationen miteinander in bezug auf die Genomverhältnisse, so ergibt sich zunächst folgendes: In keinem Fall paaren alle Chromosomen der vorhandenen *Agropyrum*-Genome. Dagegen wird die Anzahl der Chromosomenpaare innerhalb der *Agropyrum*-Genome deutlich beeinflusst durch die Zahl der überhaupt vorhandenen Genome und deren Herkunft. Dabei kann die Anzahl der Weizenbivalente als konstant angesehen und deshalb außer acht gelassen werden. Die drei *Agropyrum*-Genome aus der amphidiploiden Pflanze paaren autosyndetisch, wenn sie, wie in der Kombination mit *Triticum aestivum*, haploid vorhanden sind. Doch erhöht sich die Anzahl an paarenden Chromosomen wesentlich, wenn ein weiteres Genom aus einem Additionsbastard hinzugefügt wird. Gleichzeitig zeigt die fast um das Doppelte angestiegene Multivalentzahl, vor allem der Trivalente, daß Chromosomen mehrfach vorhanden sein müssen. Das Paarungsverhalten der *Agropyrum*-Chromosomen in der Kombination mit Amphidiploiden ist also relativ labil, wie die große Streubreite von etwa 7–8 Chromosomenpaaren anzeigt. Dieser Bereich ist in den Bastarden aus den 56-chromosomigen Linien halb so groß (4–5 Paare), und die größten Häufigkeiten konzentrieren sich in den mittleren Werten. Daß es dabei Differenzen zwischen einzelnen Additionsbastarden in bezug auf die Zusammensetzung ihrer *Agropyrum*-Elemente geben kann, ist nach den vorliegenden Ergebnissen denkbar.

1948 hergestellte Bastarde aus Amphidiploiden (*Triticum durum* \times *Agropyrum intermedium*) mit $2n = 70$ haben sich nach nochmaliger Rückkreuzung mit *Triticum durum* ($2n = 70 \times 2n = 28$) in den späteren Generationen auf $2n = 42$ stabilisiert. Dieses Anfügen von zwei ganzen Genomen aus *Agropyrum* an die Genome von *Triticum durum* entspricht der chromosomalen Konstitution der *Triticum aestivum*-Additionsbastarde mit $2n = 56$.

III. Rückkreuzung an 56-chromosomigen Bastarden

Für die Kreuzungen wurden mehrjährig konstante Weizenqueckenlinien ausgesucht, wobei besonderer Wert auf Feldresistenz gegen Mehltau, Braun- und Gelbrost gelegt wurde. Die Linien 6, 7 und 9 sind schon im 11. Teil dieser Arbeit erwähnt worden. Außerdem wurde noch TA 10 benutzt mit der Abstammung aus (Crewener 27 \times *Agropyrum intermedium*) \times Crew. 192. Alle Linien waren 1951 in F_1 .

TA 6 und 10 gleichen im Ährentyp und Pflanzenwuchs sehr der TA 9. Davon etwas abweichend sind die untereinander relativ ähnlichen Familien der TA 7-Linie, deren Ähren weniger *Agropyrum*-ähnlich aussehen, sondern etwas breiter mit einer von der Ährenspitze zur Basis abnehmenden Dichte der Spindelstufen. Diese Ährenform ist modifikativ, der Nachbau von Einzelpflanzen mit extrem dichter oder extrem lockerer Ausprägung dieses Merkmals ergibt immer wieder die alte Variationsbreite.

a) Rückkreuzungs- F_1

In mehreren Jahren wurden TA-Linien mit Weizen-sorten kombiniert, und zwar meistens unter Verwendung des Weizenelters als Pollenspender. 1951 wurden Kreuzungen in beiden Richtungen durchgeführt, wobei sich interessante Ergebnisse, besonders in bezug auf die Ansatzverhältnisse, herausstellten. In der graphischen Darstellung Abb. 4a zeigt sich zunächst, daß Heine IV und Crew. 192 als Vatersorten mit allen vier TA-Linien durchschnittlich 50% Ansatz geben, Heine VII dagegen etwas weniger. Doch wird in der reziproken Kombination bei den Linien TA 6 und 10 eine beachtliche Steigerung des Prozentsatzes auf 70–80% festgestellt, während dieser bei TA 7 etwas absinkt. (Die Werte für TA 9 sind miteinander nicht direkt vergleichbar).

Die F_1 -Parzellen 1952 konnten je Gruppe als einheitlich beurteilt werden. Den typischen F_1 -Charakter der Wuchs- und Ährenform dieser Pflanzen zeigt die Abb. 5. Ergebnisse der Messungen der durchschnittlichen Halmlänge je Parzelle sind in Abb. 2b angegeben: In allen Bastarden, selbst den hochwüchsigen Linien TA 6 und 9, wird die Länge beider Eltern übertroffen. Außerdem konnte eine weitere Steigerung des Längenwachstums in den Fällen beobachtet werden, in denen die Sorte als Mutter benutzt war.

Während der Blütezeit wurden noch andere Unterschiede zwischen den Nachkommen der TA-Linien erkannt: nur die TA 7 F_1 -Pflanzen öffneten die Antheren normal und in ähnlicher Weise wie der Weizen, so daß Narben bevorzugt vom eigenen Pollen befruchtet werden. In der TA 6-Gruppe waren die Blüten

noch längere Zeit nach dem Pollenausstäuben weit gespreizt und damit der Fremdbestäubung zugänglich, desgleichen auch bei TA 9 und 10, bei denen die Antheren sich sogar nur wenig öffneten, um Pollen zu entlassen. Es wurden daher in allen F₁-Bastarden außer denen mit TA 7 Selbstungen durchgeführt. Den Blühverhältnissen entsprechend entwickelt sich auch der Ansatz (Abb. 4c), die Werte liegen bei TA 7 deutlich höher als bei den übrigen Linien. Die Selbstungs-Prozentsätze sind erwartungsgemäß etwas kleiner als bei freiem Abblühen (Tab. 9a). Sehr deutlich zeigt sich auch hier wieder eine Differenz zwischen den F₁-Pflanzen mit verschiedenem Mutterplasma: in allen vier Gruppen ist eine erhöhte Fertilität zu beobachten, wenn die Weizensorte Mutter bei der Kreuzung gewesen war. Von den vorhandenen F₁ wurden drei Gruppen je mit zwei Weizeneltern rückgekreuzt. Für TA 7 liegt der Kreuzungsansatz etwa im Bereich seiner relativ guten F₁-Fertilität (40%), während bei den schlecht fertilen TA 10 und besonders TA 9 eine sehr viel höhere Kornzahl als bei freiem Abblühen bzw. bei Selbstung erreicht wird (Tab. 9a).

Die Chromosomenzahl aller untersuchten F₁-Pflanzen war entsprechend der Erwartung 2n = 40, zusammengesetzt aus (Gamet der TA-Linie) n = 28 + (Gamet des Weizens) n = 21. Je Nummer wurden durchschnitt-

PMZ 21 Paare, dagegen 70,4% 20 Paare. Noch niedriger liegt dieser Wert bei TA 6, bei einer relativ großen Streubreite können nur in 9,4% der PMZ 21 Paare gezählt werden, der niedrigste Wert liegt bei 17 Paaren.



Abb. 5. TA Linie × Sorte. Heine IV — TA 9 — RF₁.

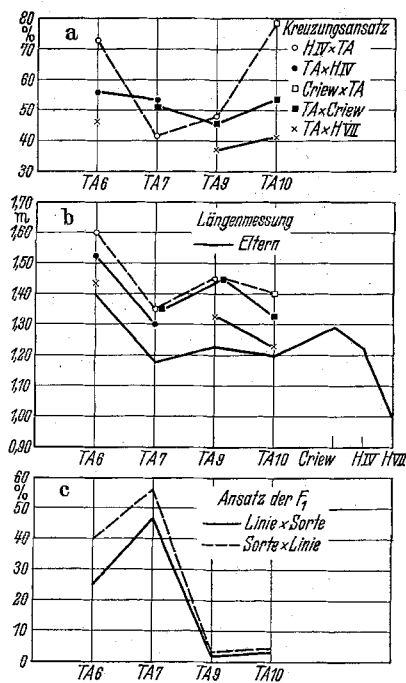


Abb. 4. TA Linie × Sorte. RF₁.
 a) Kreuzungsansatz in Prozent;
 b) Halmhöhe in m;
 c) Ansatz der F₁ Pflanzen in Prozent.

Gelegentlich werden in der TA 7 F₁ sogar 22 Chromosomenpaare gefunden, die sich aber nur in fünf von 14 PMZ aus 22 Bivalenten, in den übrigen aus 18—20^{II} + der entsprechenden Anzahl an Quadrivalenten zusammensetzen. (18^{II} + 2 IV oder 20^{II} + 1 IV usw. Tab. 10).

Gliedert man die TA 7-F₁ auf in die beiden reziproken Kombinationen, so zeigt sich in jedem Fall eine erhöhte Paarung, sowohl was Bi- als Multivalente betrifft, wenn die TA-Linie Polleneltern war.

Tabelle 9a. TA Linie × Sorte. Ansatz der F₁ Pflanzen bei freiem Abblühen (f), Selbstung (s) und Bestäubung mit Triticum aestivum (K/Ä = Korn je Ähre).

	Ansatz % der F ₁				× Trit. %
		f %	s K/Ä	× Trit. K/Ä	
TA 6 × H VII	52,634	42,1	26,0	11,7	—
× H IV	635	25,9	17,7	12,4	—
H IV × T A 6	636	40,0	28,3	11,7	—
TA 7 × H IV	640	46,6	31,5	—	42,8
H IV × T A 7	641	56,0	35,8	—	—
TA 7 × Criew.	642	49,3	29,9	—	39,6
TA 10 × H VII	644	2,3	1,2	0,0	3,7
× Criew.	645	2,5	1,5	0,0	2,6
Criew. × T A 10	646	3,4	2,2	0,04	—
TA 9 × H VII	647	7,2	4,1	0,6	5,6
× Criew.	648	1,5	0,9	0,4	9,1
H IV × T A 9	649	2,6	1,9	0,1	—

lich 3 Pflanzen cytologisch untersucht, und, da sie sich innerhalb der Gruppe nicht unterschieden, zusammengefaßt. (Tab. 9). Die Gesamtzahl an ausgezählten Pollenmutterzellen beträgt je Nr. zwischen 120 und 650 und wurde in der Tabelle aufgedgliedert in Chromosomenpaare (Bivalente + Multivalente) und Multivalentkonfigurationen. Durch die hohen Zahlen an ausgewerteten Pollenmutterzellen ergibt sich eine gute Sicherung der Differenzen zwischen den einzelnen F₁ Gruppen: der Prozentsatz an PMZ mit 21 gepaarten Chromosomen ist in TA 7 und TA 10 relativ hoch, 60—63%. In TA 9-F₁-Pflanzen haben nur 17,5% der

In bezug auf den Prozentsatz an PMZ mit höher verketteten Chromosomen stehen die F₁-Bastarde aus TA 6 an erster Stelle, es folgen TA 7, 9 und 10. Die Anzahl der an den Multivalenten beteiligten Chromosomen ist unterschiedlich, in TA 7 werden relativ viel Quadrivalente, auch als Ringe, gefunden, während TA 10 andererseits einen hohen Prozentsatz an Trivalenten aufweist. Sehr hohe Verkettungen werden auch in TA 9 gebildet (V bis VIII). Die Variabilität der Konfigurationen ist im einzelnen aus der Tabelle 9 zu entnehmen, in der die Bindungen der Chromosomen in II, III, IV usw. getrennt aufgeführt sind.

Tabelle 9. TA Linie × Sorte. Chromosomenpaarung der Rückkreuzungs-F₁.

	PMZ	Chromosomenpaare										PMZ	Multivalente										
													PMZ										
		18	19	20	21	22	III	IV	IVR	V	VI			VII	VIII	2M	2III	2IV	III+IV	3M			
TA 6 Σ 635 + 36	380	18	124	201	36	—	39	78	28	11	3	2	75	9	19	35	4						
TA 7 Σ 640 + 41	650	2	24	211	410	3	56	124	79	8	5	—	25	1	4	18	2						
TA 9 648	280	4	30	197	49	—	24	27	32	4	9	—	7	—	3	4	—						
TA 10 645	120	—	4	38	78	—	22	13	7	1	—	—	8	2	3	3	—						
%							%																
TA 6 Σ 635 + 36	380	0,2	4,8	32,6	52,8	9,4	10,2	20,5	7,4	2,9	0,8	0,5	19,7	2,4	5,0	9,2	1,0						
TA 7 Σ 640 + 41	650	0,3	3,7	32,5	63,1	0,4	8,6	19,1	12,1	1,2	0,7	0,3	3,8	0,1	0,6	2,8	0,3						
TA 9 648	280	1,4	10,7	70,4	17,5	—	8,5	9,6	11,8	1,4	3,2	—	2,5	—	1,0	1,4	—						
TA 10 645	120	—	3,3	31,7	65,0	—	18,3	10,8	5,8	0,8	—	—	6,6	1,6	2,5	2,5	—						
%	100%						%																
TA 7 × T 637	250	2,8	9,2	35,6	51,6	0,8	15,2	14,8	11,2	1,6	0,8	0,8	12,0	3,6	2,4	3,6	0,8						
T × TA 7 638	300	—	2,3	26,0	68,6	3,0	8,7	16,3	23,3	3,0	3,3	0,6	6,6	0,6	2,0	3,3	0,6						
TA 7 × T 640	300	0,3	3,3	37,0	59,3	—	10,0	16,0	12,6	—	0,6	—	5,3	0,3	0,6	4,0	0,3						
T × TA 7 641	350	0,2	4,0	28,6	66,2	0,8	7,4	21,4	11,7	2,3	0,8	0,5	2,5	—	0,5	—	0,2						
%																							
TA 6	57,8	IM III + IV V-VIII										2M											
7	91,6	42,3	10,5	—	—	—	15,5	31,1	11,2	4,3	4,3	1,2	29,9	3,5	7,5	14,0	4,8						
9	72,8	86,7	4,9	—	—	—	18,0	41,6	26,5	2,7	1,0	0,6	8,4	—	—	—	—						
10	82,3	62,8	10,0	—	—	—	23,3	26,2	31,1	3,9	8,7	—	6,8	—	2,9	3,9	—						
		39,2	1,9	—	—	—	43,1	25,5	13,7	1,9	—	—	15,7	3,9	5,9	5,9	—						

Die Anzahl der in dieser Art gebundenen, also nicht univalenten Chromosomen ist besonders hoch in der TA 7-Linie und in TA 10, während in den TA 6-F₁-Pflanzen mit der hohen Gesamtzahl an Multivalenten, auch in PMZ, die nur wenige Chromosomenpaare enthalten, regelmäßig III oder IV gefunden sind. Die Multivalentbildung ist also nicht nur quantitativ, sondern auch qualitativ bedingt. Besonders wichtig sind nun die Chromosomenverbände, in denen an das normale einundzwanzigste Bivalent ein weiteres Chromosom angeheftet ist (20 + III, Tab. 10). Der Prozentsatz an 43 gebundenen Chromosomen beträgt in der F₁ von TA 7 immerhin 8 von 650 PMZ = 1,23% und in der F₁ aus TA 10 sogar 14 von 150 PMZ = 9,3%. In den anderen F₁-Gruppen liegt er etwas niedriger. Die Folgerungen aus diesen Ergebnissen werden in der Diskussion im Zusammenhang besprochen.

b) Rückkreuzungs-F₂

Im gleichen Jahr wurde eine F₂-Generation untersucht, die aus einer entsprechenden Rückkreuzung der Linie TA 7 wie die eben beschriebene F₁ stammt. Je 10–15 Pflanzen waren nachgebaut, sowohl nach freiem Abblühen als auch nach der nochmaligen Rückkreuzung mit dem Elter Heine IV. Die Körner (je F₁-Pflanze etwa 20–30 Korn) wurden im Herbst nicht ins Freiland, sondern in Lagen ausgelegt und im Frühjahr in weiten Abständen in gutem Boden ausgepflanzt. Auf Grund dieser Aufzucht waren die Pflanzen besonders üppig entwickelt und gut einzelpflanzenweise auch in bezug auf die Krankheitsresistenz zu bonitieren. Die F₂-Generation machte im ganzen den Eindruck einer Nachkommenschaft aus der Kombination der Kultursorten Crieuener 192 (Elter in TA 9) × Heine IV (Rückkreuzungselter). Die Pflanzen waren wüchsig, gut bestockt, aber nicht so langhalmig wie die F₁, die Ähren meist kräftig, gut ausgebildet und nur etwas in Länge und Dichte variierend. Tab. 11 gibt eine Übersicht über diese Bonituren, wobei Pflanzenlänge und Ährenformen, in verschiedener Weise kombiniert, zusammengestellt sind. Im ganzen überwiegen zahlenmäßig die „Heine IV-Typen“ mit etwa 70 bis 80% über extreme Formen und schwachwüchsige Pflanzen. Der Unterschied zwischen Nachkommen aus freiem Abblühen der F₁ (= R₁F₂) und denen aus F₁ × *Triticum aestivum* (= R₂F₁) zeigt sich vor allem in der Verschiebung der Ährendichte: in der R₂F₁ werden mehr dichtährige kurze Pflanzen gefunden, während in R₁F₂ die Anzahl der lockerährigen Pflanzen größer ist. Im allgemeinen ist der Prozentsatz an Pflanzen, die in einem der angeführten Merkmale vom Durchschnitt abweichen, in R₁F₂ größer als in der Rückkreuzungs F₁. Da die F₁ einheitlich ist, können im folgenden alle Individuen der beiden RF-Gruppen je zusammengefaßt werden.

Etwa 100 Pflanzen wurden insgesamt cytologisch untersucht. Sie waren ohne Berücksichtigung besonderer Merkmale wahllos herausgegriffen, da sich zur Fixierungszeit die Pflanzen noch in relativ einheitlichem Jugendstadium befanden. Die Verteilung der 2n-Zahlen von 42–48 ist in Abb. 6 dargestellt. Zahlenmäßig überwiegen die Pflanzen mit 2n = 42 bis 44, wobei der Anteil an 42-chromosomigen in der R₂F₁ größer ist als in der normalen RF₂. Die Häufigkeit an Pflanzen mit höheren Chromosomenzahlen ist ge-

Tabelle 10. TA Linie × Sorte. R₁F₁ und R₂F₂. Häufigkeit der Chromosomenpaarung zwischen *Triticum* und *Agropyrum*-Chromosomen (= 43 gebundene Chromosomen). Anzahl Pollenmutterzellen.

	TA R ₁ F ₁				R ₁ F ₂ (2n=)			R ₂ F ₁ (2n=)					
	7	6	9	10	44	45	>45	44	45	>45			
22II	3	—	—	—	3 =	6	7	96	109 =	1	2	5	8 =
20II + 2III	—	—	—	—	0,2%	—	—	1	9,7%	—	—	—	0,76%
+ 2IV	—	—	—	—		4	—	10		2	2	7	
18II + 2IV	—	—	—	—		—	—	—		—	—	—	
20II + 1III	4	—	—	14	23 =	1	4	10	30 =	3	21	36	78 =
19II + 1V	—	—	—	—	1,60%	—	—	—	2,66%	—	3	—	7,48%
18II + III + IV	1	—	1	1		—	—	—		—	2	—	
17II + III + VI	—	2	—	—		—	—	—		—	—	—	
17II + IV + V	—	—	—	—		—	—	—		—	2	—	
	650	380	280	120	1980	390	376	361	1127	375	436	230	2168

Tabelle 11. TA Linie × Sorte. R₁F₂ und R₂F₁. Ähren- und Pflanzentypen. (L = lang bzw. locker, m = mittel, k = kurz, d = dicht).

Pflanze	Wuchs		Ähre		Dick-Kopf	R ₁ F ₂	R ₂ F ₁
	Länge	Länge	Dichte	Dichte			
m	m	m	m	m		43,0	29,3
l + k	m	m	m	m		26,6	13,8
l, m, k	m	m	d	d		2,4	8,6
l, m, k	m	m+d	D	D		9,1	21,95
± HIV l, m, k	m	m+d				81,1	73,7
l	l	l	l	l		3,0	1,0
l, m, k	l, m, k	l	l	D		18,8	8,5
l, m, k	l, m, k	l	l	D		25,0	7,3
k	k	d	d	D		3,1	5,2
l, m, k	k	d	d	D		3,0	5,0
				D		37,6	34,7
schwach	—	—	—	—		13,3	3,5
						100% = 165	478

Die Paarungsverhältnisse der Chromosomen liegen in allen Pflanzen relativ ähnlich:

Paare	R ₁ F ₂	R ₂ F ₁
IV = 2II	Pfl.	Pfl.
< 20	—	1
20	8	12
21	34	36
22	3	—
	%	%
	17,8	2,2
	75,6	24,5
	6,0	73,5

Aus der Zusammenstellung geht hervor, daß in weit-aus dem größten Teil aller Pflanzen, unabhängig von der 2n-Zahl, 21 Bivalente gebildet werden. Die Zahl wurde jeweils in fast allen PMZ einer Pflanze gefunden, gleicht also in der geringen Streubreite dem Paarungsverhalten der Chromosomen im 6n-*Triticum*. Zwischen

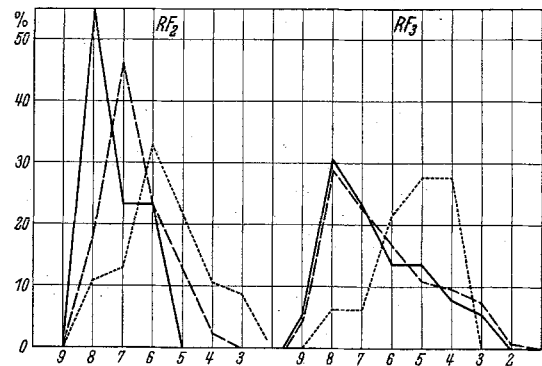


Abb. 7. TA Linie × Sorte. R₁F₂ und R₂F₁. 2n-Zahl und Fertilität. Errechnet aus der Gesamtzahl der cytologisch untersuchten Pflanzen.

— 2n = 42 R₁F₂ 100% = 17 R₂F₁ 100% = 52 Pfl.
 - - - 43-44 39 55
 >44 34 18.

ring, Pflanzen mit mehr als 2n = 48 wurden nicht gefunden. Auf Grund dieser Verteilung lassen sich Rückschlüsse ziehen auf die n-Zahl der F₁-Gameten, die an dem Zustandekommen der F₁-Pflanzen beteiligt sind.

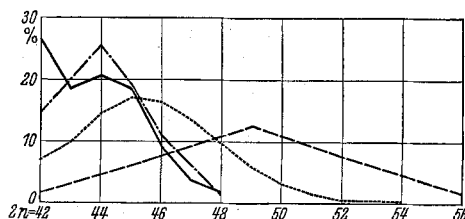


Abb. 6. TA Linie × Sorte. R₁F₂. Häufigkeit der Pflanzen mit verschiedenen Chromosomenzahlen.

- a) — gefundene Werte für R₂F₁ 100% = 53.
- b) - - - gefundene Werte für R₁F₂ 100% = 47.
- c) Erwartungswerte für R₁F₂, bei zufallsmäßiger Univalentverteilung 100% = 64.
- d) - · - - Erwartungswerte für R₂F₁, bei entsprechender Univalentverteilung wie in R₂F₁ 100% = 9956.

An den 2n-Zahlen der Rückkreuzungs-F₁ können die Chromosomenzahlen der F₁-Eizellen abgelesen werden, die mit den 21-chromosomigen Gameten von *Triticum aestivum* kombiniert sind. Wenn nun die Univalente in der Meiosis der F₁ auf die gleiche Weise auch in den Pollen verteilt würden, so müßte eine freie Kombination der männlichen und weiblichen Gameten R₂F₂-Zygoten mit den 2n-Zahlen der Kurve d ergeben. Die gefundenen Werte (Kurve b) lassen aber eine starke Reduktion der zusätzlichen Chromosomen vermuten, die nur im Pollen erfolgt sein kann. Es ist daher anzunehmen, daß niedriger-chromosomige ♂ Gameten bevorzugt zur Befruchtung kommen. Eine freie Kombination aller theoretisch möglichen n-Zahlen ist auf Grund der gefundenen Werte ausgeschlossen (Kurve c).

der R₁F₂ und der R₂F₁ besteht ein leichter Unterschied in der Paarungsintensität der Chromosomen. In allen Pflanzen konnten Multivalente gezählt werden und zwar meistens ein Tri- oder Quadrivalent (auch als Ring) je PMZ. Der Prozentsatz an PMZ mit Multivalenten variiert etwas je Pflanze, die Verteilung der Konfigurationen ist in Tab. 10 angegeben. Es muß besonders auf das gelegentliche Vorkommen von PMZ mit 20^{II} + III oder 19^{II} + V hingewiesen werden, in denen 43 Chromosomen miteinander verbunden sind (Tab. 10).

Die Kurven in Abb. 7 zeigen die Fertilitätswerte (hier ausgedrückt in Zahlen von 1—9, wobei 8—9 der Fertilität des normalen Weizens entspricht), für die drei Chromosomenzahlen-Gruppen 2n = 42, 43 + 44 und >44. Die Abstufung der Werte läßt sich klar erkennen: während bei den 42-chromosomigen Pflanzen das Maximum deutlich im Bereich der normalen Weizen liegt, nimmt mit ansteigender 2n-Zahl die Häufigkeit der gut fertilen Pflanzen ab.

Auch in Wuchs und Ährenform sind die 42-chromosomigen Pflanzen normalem Weizen vergleichbar, vor allem in $R_2 F_1$ unterscheiden sie sich wenig von den Ähren eines Heine IV. Die meisten der $2n = 43-44$ ähneln morphologisch den Pflanzen mit $2n = 42$ bzw. *Triticum aestivum*. Doch unter den höherchromosomigen Pflanzen ($2n = 45-48$) werden häufig ausgesprochen extreme Ährenformen gefunden und auch TA 7-ähnliche Ähren mit der typischen dichten Anordnung der Ährchen an der Spitze der Ähre und der lockeren Ährenbasis. Außerdem kommen auch unterentwickelte, kurze, fast sterile Ähren vor. Als Beispiel sind in Abb. 8 einige dieser Typen dargestellt. Es kann also allgemein festgestellt werden, daß die

Den Zusammenhang zwischen Resistenz und Chromosomenzahl zeigt die folgende kleine Zusammenstellung:

	M	B	G	B+G	M+B	x
$R_1 F_2$ $2n = 42-44$	—	—	—	—	—	28
>44	2	6	4	3	—	17
						45
$R_2 F_1$ $2n =$	—	—	1	—	—	14
42	—	—	6	3	—	21
43-44	4	3	12	6	—	19
>44	1	9	—	—	1	—
						54

(x = Gesamtzahl aller cytologisch untersuchten Pflanzen)

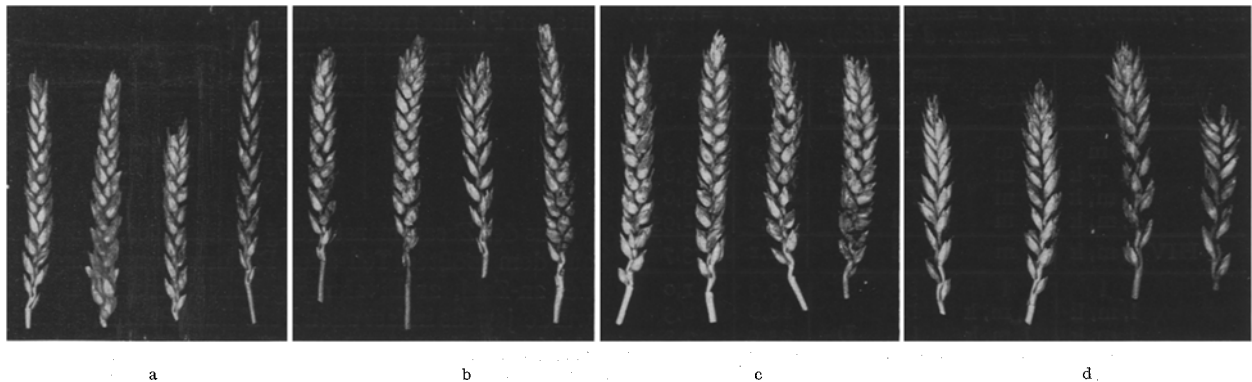


Abb. 8. TA Linie x Weizensorte. $R_2 F_3$. a) $2n = 42$, b) $2n = 43$, c) $2n = 44$, d) $2n = 45$.

42-chromosomigen Pflanzen sowohl in Fertilität als auch in Morphologie den Eindruck eines Kulturweizens machen, während mit steigender Chromosomenzahl Sterilität und Störungen der Gesamtentwicklung der Pflanzen zunehmen.

Im Laufe der Vegetationszeit wurde mehrmals mit besonderer Sorgfalt die Feldresistenz gegen die Krankheiten Mehltau, Braun- und Gelbrost bonitiert. Die Einzelpflanzen waren durch die günstige geschützte Lage der Pflanzbeete gleichmäßig infiziert und konnten mit den Werten 0-4 gut bonitiert werden. In Abb. 9 ist die Häufigkeitsverteilung der Pflanzen mit den verschiedenen Resistenzwerten gegen die drei Krankheiten kurvenmäßig dargestellt. Das grundsätzlich andere Verhalten der Resistenz gegen beide Roste im Vergleich zum Mehltau wird dadurch veranschaulicht. Sowohl für Braun- wie für Gelbrost werden entweder Pflanzen ganz ohne oder mit sehr starkem

Befall gefunden, während mittlere Befallswerte nur in relativ kleinem Ausmaß vorkommen; das Gegenteil ist beim Mehltau der Fall. Der Prozentsatz an Mehltauresistenten Pflanzen beträgt im ganzen nur 10%, beim Braun- und Gelbrost liegt er etwa doppelt so hoch. Auch in bezug auf den Befallswert der einzelnen Pflanzen scheint eine Abhängigkeit zwischen beiden Rostkrankheiten zu bestehen, da sie häufig den gleichen Befallsgrad an einer Pflanze erreichen. (Tab. 12. Die Mehltauresistenz ist in dieser Tabelle nicht mit angeführt.)

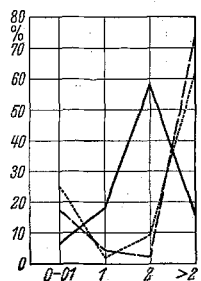


Abb. 9. TA Linie x Sorte. $R_2 F_3$. Häufigkeitsverteilung der Pflanzen mit verschiedenen Resistenzwerten für: — Mehltau, - - - Braunrost, Gelbrost. 100% = 245

Unter den zufällig für die Fixierung ausgewählten Pflanzen waren nur wenige resistent. Trotz der kleinen Zahlenwerte kann aber festgestellt werden, daß die Resistenten überwiegend höherchromosomig sein müssen, sogar meist mehr als $2n = 44$.

Alle 42-chromosomigen Pflanzen waren rostanfällig (Ausnahme eine Pflanze mit Gelbrostresistenz).

c) Rückkreuzungs- F_3

Etwa 80 Pflanzen der zweiten Rückkreuzungsgeneration wurden zum Nachbau ausgelesen, vor allem unter Berücksichtigung ihrer Resistenz gegen Braun- und Gelbrost. Es wurden je 150-200 Korn im Feld und von einigen Pflanzen außerdem noch 30-40 Korn in Lagen ausgelegt. Letztere wurden im Frühjahr auf größere Standbreite ausgepflanzt, um für Einzelpflanzenbonituren und Fixierungen verwendet zu werden. Fast alle Parzellen machten einen wüchsigen, mehr oder weniger der Sorte Heine IV ähnlichen Eindruck.

Schoß- und Reifedaten lagen im Bereich der Weizensorten, ebenso auch Halmlänge und -festigkeit. In bezug auf die Ährenformen wurden je Parzelle Unterschiede beobachtet. Nur wenige Nummern konnten als ganz einheitlich beurteilt werden, doch läßt sich innerhalb jeder Nachkommenschaft Familienähnlichkeit feststellen.

Die cytologische Untersuchung an 6 verschiedenen F_3 -Gruppen zeigte, daß die Chromosomenzahlen in keiner der Familien schon einheitlich geworden sind. In der Tab. 12 sind Anzahlen an Chromosomen und Chromosomenpaaren angegeben. Wird hier in einigen Fällen die $2n$ -Zahl einer 43-chromosomigen Pflanze mit $2n = 42 + 1$ statt mit $2n = 43$ angeführt, so soll damit gesagt sein, daß das getrennt bezeichnete

Chromosom kürzer als die übrigen des Satzes ist. Es handelt sich dabei meist um einen Verlust von 1/2 bis 1/3 der ursprünglichen Länge. Gelegentlich konnte auch Paarung zwischen zwei derartigen Fragmenten beobachtet werden.

Die Auszählungen wurden durchschnittlich an 30–50 PMZ durchgeführt. Die Streuung der Bindungswerte zwischen den PMZ einer einzelnen Pflanze ist im Vergleich zu derjenigen der Rückkreuzungs-F₁ sehr klein, die angegebene Anzahl an Bivalenten entspricht fast immer dem höchstmöglichen Wert an gepaarten Chromosomen.

Die Multivalentbildung wurde in dieser Zusammenstellung nicht berücksichtigt. In jeder der untersuchten Gruppen enthielt etwa die Hälfte der Pflanzen ein Tri- oder Quadrivalent, letzteres häufig auch als

Ring; der Prozentsatz an PMZ betrug je Pflanze etwa 20–30%. In jeder Familie variiert die 2n-Zahl unabhängig von derjenigen der Mutterpflanze, doch besteht deutlich die Tendenz einer Regulierung auf die Zahl 2n = 42. Erstaunlich ist die sehr hohe 2n-Zahl von drei Pflanzen mit 2n = 46, 47 + 1 und 49.

Mit der steigenden Chromosomenzahl wurden häufig auch mehr als 21 Bivalente gezählt, unter 63 Pflanzen mit 2n > 43 waren es 10 Pflanzen. Meistens wurden jedoch 21 gefunden, auch in den Pflanzen, deren Mutter nur 20 Bivalente enthielt (Tab. 13). Eine Ausnahme bildet die Familie Nr. 53, K 42.

Beim Vergleich der Ährenformen dieser cytologisch bekannten Pflanzen ließ sich allgemein folgendes feststellen: gut ausgebildet und kräftig, relativ Heine IV ähnlich sind fast immer die Ähren der Pflanzen mit 2n = 42–44. Die Ähnlichkeit der Pflanzen innerhalb einer F₂-Nachkommenschaft ist größer als die zwischen gleichchromosomigen Pflanzen verschiedener Herkunft (Abb. 10). In allen Familien ist aber eine Schwächung oder leichte Mißbildung der Ähren dann festzustellen, wenn die 2n-Zahlen 2n = 44 überschreiten, besonders in den höchstchromosomigen Formen dieser Gruppe (2n = 48–49). Das gleiche gilt für Pflanzen mit 2n = 41, von denen im ganzen 11 gefunden wurden (8 davon in der Gruppe 53, K 42). Hier scheint das fehlende Chromosom einen leichten Defekt der normalen Ausbildung zu bewirken. Eine spezifische Wirkung eines einzelnen Chromosoms auf bestimmte morphologische Merkmale konnte bisher noch nicht festgestellt werden.

Auch die Fertilität der Pflanzen mit 2n-Zahlen von 42–44 ist bei weitem besser als die der höherchromo-

Tabelle 12. TA Linie × Sorte. RF₃; Verteilung der 2n-Zahlen und Chromosomenpaare in 6 Familien, gleichzeitig in Beziehung gesetzt zur Braunrostresistenz. (a = anfällig | b = resistent gegen Braunrost | c = resistent gegen Braun- und Gelbrost).

2n	Paare	RF ₃ Familien						?	K 50
		2n = 43 20II	43 20II	44 20II	46 21II	46 21II			
		55, K 34 a b c	K 45 a b c	K 42 a b c	K 46 a b c	K 41 a b c	a b c		
41	20 19		I	7 I	I			I	9 2
42	21 20 + 1 hII	2 I	14	I 17	6 2	4		2 3	29 23
42 + 1	21		9 I						10
42 + 2	21		I		I				2
42 + 3	21 + 1 klII		I						I
43	21 20	3	I ①	I I 4	5 I I	I I		I 2 I	17 7
43 + 2	20 - 21	I							I
44	21 - 22 21 20 + 1 klII 20	I I I	I I 3	I	I I			I I	3 16 I 6
44 + 1	22 21		I				I		I I
44 + 2	21 - 22				I				I
45	22 21 20		① 3	I	I				2 8 I
46	21 - 22			I					I
47 + 1	22 - 23		I						I
49	21 - 23							I	I
		18 - 8 26	29 2 4 35	31 - 7 38	15 4 3 22	6 I - 7	11 - 5 16		144

somigen. Die Kurve in Abb. 11, die aus einer Zusammenfassung der Fertilitätswerte aller RF₃-Pflanzen mit bekannter Chromosomenzahl gebildet ist, zeigt die verschiedenen Werte für Pflanzen mit 2n = 42, 43–44 und > 44. Die Maxima der Häufigkeit hoch- und niedrigchromosomiger Pflanzen fallen hier weiter auseinander als in der vergleichbaren Kurve der RF₂ (Abb. 7).

Tabelle 13. TA Linie × Sorte. RF₄; Chromosomenzahl und Rostresistenz in der Nachkommenschaft zweier RF₃-Pflanzen.

Nr.	Σ Pfl.	2n	Paare	Resistenz	
				B	G
F ₃ 53, K 34/32	15	45	22II + I ^I	0	0
F ₄ 54, K 91		44	22II	0	0
		45	22II + I ^I	0	0
F ₃ 53, K 45/43	32	43	21II + I ^I	0	0
F ₄ 54, K 106		42	21II	+	+
		43	21II + I ^I	0	0
		44	22II +	0	0

Daß aber außer der 2n-Zahl noch andere Faktoren die Fertilität beeinflussen müssen, zeigt sich in Abb. 6, in der die Werte je nach der Zugehörigkeit zu einer bestimmten F₂-Einzelpflanzen-Nachkommenschaft geordnet sind. Sowohl die beiden Nachkommenschaften aus 2n = 43-Pflanzen (53, K 34 und 45) wie die aus 2n = 46 stammenden Pflanzen (53, K 46 und 41) zeigen je verschiedene Häufigkeitsverteilungen der Fertilitätswerte. Auch die Streubreite der Werte ist recht verschieden, in 53, K 42 und 50 sehr weit im Gegensatz zur Einheitlichkeit der Nr. 53, K 34.

Im Verlauf des Sommers wurde großer Wert auf die sorgfältige Einzelpflanzenbonitur der Resistenz gegen Mehltau, Braun- und Gelbrost gelegt. Der Vergleich mit dem Befall einiger unter denselben Bedingungen stehenden Weizensorten zeigte, daß die Infektion durchaus gut und die Befallsgrade 0—4 für jede Krankheit deutlich zu unterscheiden waren. Die Boniturnwerte für Mehltau sind in dieser Zusammenstellung nicht

Erst beim Vergleich der Resistenzwerte mit den cytologischen Untersuchungen wird deutlich, daß eine direkte Beziehung zwischen der Chromosomenzahl und dem Krankheitsbefall bestehen muß. Fast ausschließlich in höherchromosomigen Pflanzen wurde Resistenz gegen Rostbefall gefunden, während mit Verlust der überzähligen Chromosomen regelmäßig ein Verlust an Resistenz einhergeht. In Tab. 12 sind in den



Abb. 10. TA Linie × Weizensorte. F₃-Familien aus der Rückkreuzung TA 7 × Heine IV. a) 2n = 41; 53, K 42, b) 2n = 42; K 42, c) 2n = 42, K 45; d) 2n = 44 und > 44; K 46.

mehr berücksichtigt, da außer einigen sehr schwachen vollresistenten Pflanzen nur eine unter 33 Familien mit Mehltaresistenz gefunden wurde. In bezug auf die Braunrostresistenz könnte die Aufspaltung je Familie sehr grob mit 1 resistent (Befall 0 und 0—1) : 3 anfällig (Befall 1—4) angegeben werden. Abb. 11 zeigt

Spalten a, b und c anfällige, braunrostresistente und braun- + gelbrostresistente Pflanzen gesondert aufgeführt. Alle Mutterpflanzen für diese Familien waren braun- und gelbrostresistent. Eine weitere Zusammenstellung zeigt, daß unter den 144 cytologisch untersuchten Pflanzen keine 42-chromosomige mit Resistenz gegen Braunrost gefunden wurde:

	B + G = 0	B = 0	G = 0	B + G = +	Σ Pfl.
2n = 41—42	—	—	4	59	63
> 42	25	9	8	39	81
	25	9	12	98	144

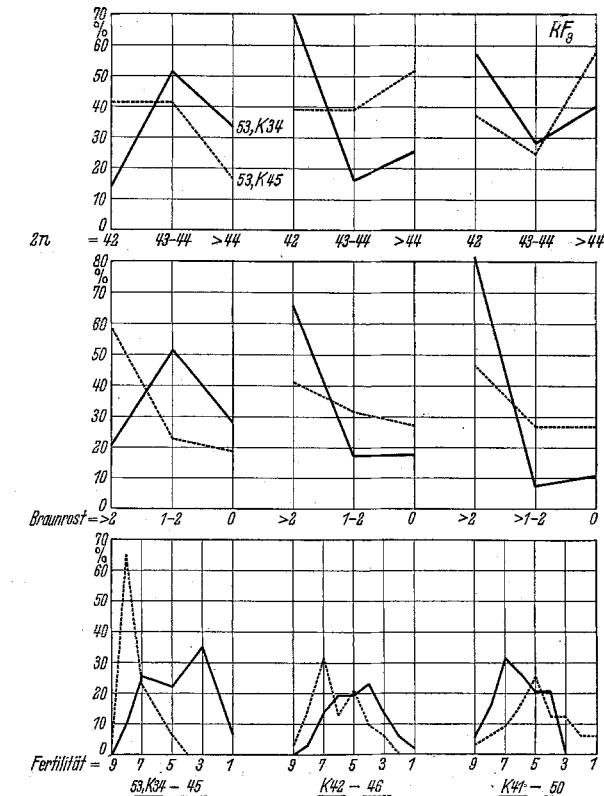


Abb. 11. TA Linie × Sorte. RF₃. Beziehung zwischen 2n-Zahl — Braunrostresistenz — Fertilität in 6 Familien. (Familien geordnet wie in Tabelle 12: 1.) 53, K 34 + K 45, 2.) K 42 + K 46, 3.) K 41 + K 50).

diese Aufspaltungsverhältnisse für 6 Familien graphisch. Nur zwei Familien unter insgesamt 27 haben einen höheren Prozentsatz an resistenten Pflanzen. Die Verhältnisse beim Gelbrost liegen ähnlich. Sehr häufig wurde beobachtet, daß beide Rostkrankheiten auf einer Pflanze denselben Befallsgrad zeigen.

Zusammenfassend kann also an Hand von Tab. 12 für die Untersuchungsergebnisse an der F₃ ausgesagt werden, daß die Abregulierung der überzähligen *Agropyrum*-Chromosomen aus dem TA 7-Bastard eine Normalisierung der Fertilität und des Krankheitsbefalls auf diejenige des Weizenelterns hin zur Folge hat.

Je größer die Anzahl der 42-chromosomigen fertilen Pflanzen in einer F₃-Familie geworden ist, desto niedriger liegt der Prozentsatz an gesunden Pflanzen, da die Resistenz immer an zusätzliche *Agropyrum*-Chromosomen gebunden zu sein scheint.

Die endgültige Isolierung dieses spezifischen *Agropyrum*-Resistenz-Chromosoms und seine Addition als Bivalent zum Weizenchromosomensatz scheint in einigen Familien der RF₄ gelungen zu sein. Als Beispiel seien zwei Nachkommenschaften aus F₃-Pflanzen (die in der Tab. 12 mit 0 bezeichnet sind) angeführt (Tab. 13).

d) Älteres Rückkreuzungsmaterial

Im folgenden sollen noch die Beobachtungen an älterem Material, das aus entsprechenden Kreuzungen stammt, mitgeteilt werden. 1948 waren an mehreren TA-Linien Testkreuzungen mit Weizensorten durchgeführt worden, um die F₁ cytologisch zu untersuchen. Von diesen Rückkreuzungsfamilien wurden nur einige über die F₁ hinaus weitergezogen. Es interessiert in diesem Zusammenhang besonders die Nachkommenschaft aus der Kombination einer braun- und gelbrostresistenten TA 7-Linie (2n = 54) mit Heine IV. Von

22 RF₂-Pflanzen, die willkürlich herausgegriffen waren, erwiesen sich in F₂ eine als braun- und vier als gelbrostresistent. Je 40 Pflanzen aus der braun- bzw. gelbrostresistenten F₃-Parzelle wurden im nächsten Jahr als F₄ weitergeführt. Die Resistenz war in F₄ und F₅ noch nicht konstant. Tab. 14 zeigt die Aufspaltung, wie sie auf dem Feld bonitiert werden konnte: etwa 50% der Parzellen waren ohne Braun-

Tabelle 14. TA Linie × Sorte. RF₃ und RF₄. Aufspaltung der Resistenz in Feldparzellen. Nachkommen aus zwei Parzellen 1951 mit Braun- und Gelbrostresistenz (x und y).

		F ₃ 1951	F ₄ 52	F ₅ 53	F ₃ 51	F ₄ 52	F ₅ 53
Braunrost	o	x	22	3		2	—
	o vz +		12	10		2	—
	sp		3	5		4	—
	+ vz o		4	2	y	1	—
	+		2	—		28	25
			43	20		37	25
Gelbrost	o		29	9	y	32	7
	o vz +		6	5		3	8
	sp		7	—		1	—
	+ vz o		1	—		1	—
	+	x	—	2		—	8
			43	16		37	23

rostbefall (o), 25% waren resistent, es wurden aber einige Pflanzen darin mit starkem Befall gefunden (in der Tabelle 14 bezeichnet als o vz +, d. h. Mehrzahl der Pflanzen resistent = o, vereinzelt anfällig = vz +), und die restlichen 25% der Parzellen waren anfällig oder mit überwiegend anfälligen Pflanzen (sp = spaltend und + vz o). Auch unter den Nachkommen dieser resistenten Pflanzen in der nächsten Generation (RF₅) war nur etwa die Hälfte aller Parzellen in bezug auf die Braunrostresistenz gut; wieder fanden sich in resistenten Parzellen einzelne voll anfällige Pflanzen. Nachkommen aus F₃-Pflanzen mit mittlerem bis schlechtem Braunrostbefallsgrad waren sowohl in F₄ wie in F₅ stark anfällig.

Die Gelbrostresistenz war im allgemeinen besser als die gegen Braunrost, wobei zu berücksichtigen ist, daß im Sommer 1953 die Feldbonituren durch schwachen Befall etwas unsicher sind. Trotzdem konnten auch hier einzelne stark befallene Pflanzen in resistenten Nachkommenschaften gefunden werden. Unter den F₄-Familien aus der resistenten F₃-Parzelle (Tab. 14) waren 81,5% der Nr. ebenfalls gelbrostresistent und 10% überwiegend resistent mit einzelnen befallenen Pflanzen, während die F₄ aus der F₃-Parzelle mit mittlerem Befallsgrad die entsprechenden Werte von 67,4% bzw. 14% ergab. Ähnliche Aufspaltungsverhältnisse wie für den Braunrost wurden auch hier in F₅ gefunden.

In diesem relativ breit aufgezogenen Material wurden zunächst keine cytologischen Untersuchungen durchgeführt. Es schien dann aber wichtig, die chromosomale Konstitution der Pflanzen zu prüfen, die in resistenten Parzellen stark anfällig waren. Aus 3 verschiedenen F₄-Familien wurden je die Einzelpflanzen nachkommenschaften von resistenten und anfälligen Pflanzen nachgebaut. Es ergab sich übereinstimmend in den drei Gruppen, daß alle resistenten Pflanzen mehr als 42 Chromosomen enthielten und zwar relativ

häufig 2n = 44 mit 22 normalen Bivalenten, gelegentlich aber auch 2n = 43 oder 42 + 1 - 2 kleinere. Die anfälligen Pflanzen dagegen hatten durchweg die Zahl 2n = 42.

Diskussion

In der vorliegenden Arbeit wurde von verschiedenen Möglichkeiten berichtet, wie Merkmale des Wildgrases *Agropyrum intermedium* mit denen des Weizens kombiniert werden können. Diese Ergebnisse sollen noch einmal, in drei Gruppen zusammengefaßt, diskutiert werden. Die Einteilung bezieht sich auf die chromosomale Zusammensetzung der Bastarde: während es sich bei den Additionsbastarden um ein rein zahlenmäßiges Zusammenfügen von Chromosomen handelt, sind bei den als Substitutionsbastarde bezeichneten Formen die Verhältnisse durch strukturell veränderte Chromosomen meistens kompliziert. Es sollen der Übersichtlichkeit wegen getrennt behandelt werden: Addition, Substitution und Austausch.

a) Additionsbastarde

Als Additionsbastarde wurden in diesem Zusammenhang alle die Bastarde bezeichnet, in denen der genomatische Anteil des *Triticum*-Elters unverändert, sowohl zahlenmäßig wie qualitativ, enthalten ist, während von *Agropyrum* nur ein Teil seiner Gesamtchromosomenzahl angefügt ist. In Formeln ausgedrückt:

$$1. \quad 2n = \frac{21 \text{ Trit.} + 7 (-14) \text{ Agrop.-Chromosomen}}{21 \text{ „} + 7 (-14) \text{ „ „}} = 56$$

$$2. \quad 2n = \frac{21 \text{ Trit.} + 1 - 6 \text{ Agrop.-Chromosomen}}{21 \text{ „} + 1 - 6 \text{ „ „}} = 43 - 54$$

$$3. \quad 2n = \frac{21 \text{ Trit.} + 1 \text{ Agrop.-Chromosom}}{21 \text{ „} + 1 \text{ „ „}} = 44$$

1. Weit aus der größte Teil des bisher aufgezogenen Materials bestand aus Pflanzen dieser Chromosomenkonstitution. Dabei war besonders auffällig die Häufigkeit und Konstanz der Linien mit 2n = 56, bei denen also zu den 6 × 7 Weizen-Chromosomen noch 2 × 7 *Agropyrum*-Chromosomen dazukommen. Die Bevorzugung der Siebener-Zahl beruht sehr wahrscheinlich darauf, daß es sich um ein ganzes Genom aus *Agropyrum* handelt. Durch die Untersuchungen von GAUL (1953a) wurde die Hypothese bekräftigt, nach der in *Agropyrum intermedium* zwei der drei Genome Homologien aufweisen, die auch in *Agropyrum* selbst zahlreiche Multivalente bilden. Genomformel:

$\frac{J_1 J_2 X}{J_1 J_2 X}$. Werden die *Agropyrum intermedium*-Genome isoliert an diejenigen des Weizens angehängt, so ergibt sich eine relativ hohe Paarung- bzw. Chiasmenbildung zwischen den Chromosomen der J-Genome.

Als Modell für diese Vorgänge wurde die Entwicklung der Linie TA 25 beschrieben, bei der sich die Chromosomensätze folgendermaßen addieren:

$$F_1 = \frac{A B D}{J_1 J_2 X}$$

$$F'_2 = \frac{A B D J_1 J_2 X}{A B D}$$

$$F'_3 = \frac{A B D J (X)}{A B D J}$$

Das Endresultat kann dann entsprechend den älteren Linien (TA 7) sein: $F_x = \frac{A B D J}{A B D J}$, in denen die rest-

lichen Chromosomen des X-Genoms gänzlich eliminiert sind. Als Kriterium für diesen Endzustand wurden die Paarungsverhältnisse in der Testrückkreuzung mit dem ursprünglichen Weizen angesehen. Es können 21 Bivalente ohne höhere Verkettungen nachgewiesen werden.

Ob es sich bei diesen J-Genomen um identische Paare desselben Genoms handelt, wurde in den Kreuzungen verschiedener Linien untereinander und mit Amphidiploiden geprüft. Die entsprechenden Genomformeln für die auf Seite 15—16 (Tab. 8, Abb. 1) berichteten Versuche wären:

1. $\frac{A B D J}{A B D J}$ (TA 7) bzw. $\frac{A B D J}{A B D J}$ (TA 9)
2. $\frac{A B D \times J_1 J_2}{A B D J}$
3. $\frac{A B D \times J_1 J_2}{A B D}$ (vergleichbar auch F'_2 aus unreduzierten Gameten TA 25, Tab. 7).
4. $\frac{A B D \times J_1 J_2}{\times J_1 J_2}$

Unter der Voraussetzung, daß die Paarungen zwischen den Chromosomen auf echten Homologien beruhen, muß angenommen werden, daß die untersuchten Linien sich etwas in der Art ihrer J-Chromosomen unterscheiden. Eine vollständige Paarung der J-Genome wird nicht erreicht. Doch scheint eine Selektion zugunsten der Homologie stattgefunden zu haben im Vergleich zur Paarungsintensität (sowohl Anzahl wie Streubreite) zwischen den J_1 - und J_2 -Genomen aus derselben Mutterpflanze (Formel 3). Der Vergleich jedoch mit den autosyndetisch paarenden haploiden Chromosomensätzen von *Agropyrum* mit denen von *Triticum* (Formel 3 und 4) zeigt deutlich die erhöhte Paarungsfähigkeit zwischen den *Agropyrum*-Genomen. Andererseits könnte man auch annehmen, daß die Homologie der Chromosomen in allen Fällen die gleiche ist, und die unterschiedliche Bivalentbildung auf genetisch bedingten Differenzen in der Chiasmenbildung beruht (GAUL 1953b). Die Selektion erfaßt auf jeden Fall die Formen mit dem höchsten Prozentsatz an gebundenen Chromosomen, da besonders in diesen die Fertilität begünstigt ist. Genau wie bei *Triticale*, worin auch ein artfremdes, aus einem wenig selbstfertilen Fremdbefruchter stammendes Genom an den Weizenchromosomensatz addiert ist, werden die Hauptschwierigkeiten in bezug auf die Fertilität dieser Pflanzen durch Defekte der zur Inzucht gezwungenen Chromosomen bzw. Gene verursacht (LEIN 1943). Doch müßte sich ebenso wie bei der *Triticale*-Züchtung ein typenreiches Sortiment fertiler Formen herstellen lassen, wenn die Auswahl der Kombinationspartner groß genug ist.

2. und 3. Das nicht vollständige Paaren der Chromosomen des addierten Genoms ist immer wieder Anlaß zur Elimination einzelner Chromosomen. Der Vorgang der Abregulierung kann sich über mehrere Generationen erstrecken, aber auch in einem Sprung erreicht werden. Sehr häufig können diese Pflanzen schon an einer morphologischen Veränderung der Ährenlänge und -dichte früh erkannt werden (Beispiel TA 25 53, K 98/1 und Tab. 7). Das Endstadium sind dann 42-chromosomige, normale Weizenpflanzen, die in der *Triticale*-Literatur als „bastardpassierte“ Weizen beschrieben werden. Ob auch in unserem Material eine Veränderung des Weizens durch diese Passage möglich

ist, wird sich erst in den nächsten Generationen erweisen, wenn die aus TA 25 entstandenen Weizen mit Carsten V verglichen werden können. Allerdings lassen die reziproken Differenzen in den Kreuzungen zwischen TA-Linien x Sorten (Teil III, a) schon jetzt Abweichungen vermuten, bei denen auch ein durch die Passage verändertes Plasma eine Rolle spielen könnte.

Beschleunigt wird dieser Vorgang durch Rückkreuzung der Linien (bzw. der Amphidiploiden) mit dem Weizenelter. Es besteht durchaus die Tendenz einer Regulierung der 2n-Zahl auf 42 schon in den ersten Generationen der Rückkreuzungsnachkommenschaft. Der Prozentsatz an Pflanzen, in denen sich zufällig homologe, bindungsfähige *Agropyrum*-Chromosomen treffen, ist relativ gering, doch kann in unserem Material eine gewisse Konstanz von $2n = 44$ -Familien mit 22^{II} nachgewiesen werden.

Bemerkenswert ist die starke Ausprägung des auf einem dieser addierten Bivalente befindlichen *Agropyrum*-Resistenzmerkmals (Befallsfreiheit gegen alle wichtigen derzeitigen Braun- und Gelbrostrassen).

Entsprechende Ergebnisse wurden von KATTERMANN (1937, 1940) und O'MARA (1950) berichtet, die sich mit der Merkmalsausprägung in *Triticale*-Bastarden beschäftigten. Hier wurden drei typische Merkmale herausgestellt, die durch einzelne Roggenchromosomen gegenüber allen Weizenchromosomen behauptet werden: Halmbehaarung unter der Ähre und eine bestimmte Art der Begrannung und der Ährenform. Die Ausprägung ist dann am stärksten, wenn das betreffende Chromosom als Paar, disom, addiert ist, nicht etwa, wie zu erwarten, bei den Amphidiploiden, in denen alle 14 Chromosomen des Roggens beisammen sind. Diese Tatsache ist zu vergleichen mit dem genetischen Verhalten von normalen Trisomen, die auch eine Verstärkung der Genwirkung im Vergleich zu derjenigen in den dazugehörigen Polyploiden zeigen können. Außerdem wurden aber auch Pflanzen mit zusätzlichen Chromosomen gefunden, die keine Roggenmerkmale zeigten, genau wie im Weizen-Queckenmaterial. KATTERMANN beschreibt 44-chromosomige Linien, die er einige Jahre erhalten konnte.

In der Gattung *Nicotiana* entstand nach LAMMERTS (1929) durch Kreuzung verschiedener Arten und Rückkreuzung der F_1 aus der Kombination von *Nicotiana rustica* x *paniculata* eine einzige Pflanze, in der 24 *rustica*- und 3 *paniculata*-Bivalente gefunden wurden. Günstiger scheinen die Arbeiten verlaufen zu sein, die von GERSTEL (1945) an *Nicotiana tabacum* x *Nicotiana glutinosa* durchgeführt wurden. Für diese Bastardierung wurde *Nicotiana tabacum* colchiziniert ($= 2 \times 48$). $2n = 96 \times 2n = 24$, F_1 24 Bivalente *tabacum* + 12 Univalente *glutinosa*. Die Rückkreuzung der F_1 mit normalem *Nicotiana tabacum* gibt 24 Bivalente *tabacum* + im Durchschnitt 12 Univalente *glutinosa*. Schon in F'_5 treten Pflanzen auf mit 25 und 26 Bivalenten, bei denen nachweislich 1—2 *glutinosa* addiert sind. Nach dem Bericht von 1945 scheinen diese Formen auch konstant zu bleiben, was in diesem Fall von Bedeutung wäre, da eine bestimmte Virusresistenz durch die *glutinosa*-Chromosomen in *Nicotiana tabacum* übertragen wurde. Die beiden frühesten Berichte über die künstliche Herstellung neuer Arten durch Summieren der Chromosomen verschiedener Herkunft werden von CLAUSEN (1926) an *Viola* und COLLINS, HOLLINGSHEAD und

AVERY (1929) an *Crepis* gegeben. Die Untersuchungen CLAUSENS an der Artengruppe *Viola* sind mehr systematisch-genetischer Art, und die cytologischen Untersuchungen beschränken sich auf die Feststellung der 2n-Zahlen. Da die 2n-Zahlen der Varietäten und Unterarten eine aneuploide Reihe bilden, können sich auch schon bei der natürlichen Entstehung dieser Art ähnliche Vorgänge abgespielt haben, wie sie CLAUSEN durch die Synthese von *Viola tricolor* mit *Viola arvensis* herstellt: $n = 13 + n = 17$ gibt in F_1 $2n = 30$ mit 13 Biv. + 4 Univ. Zwei dieser Univalente werden in der nächsten Generation zufällig disom, und es entsteht die neue Form, die *Viola hyperchromatica* genannt wurde, mit 14 Bivalenten, bei der auch *arvensis*-Merkmale zu Wirkung kommen.

Die Gattung *Crepis* ist ein besonders günstiges Objekt für derartige Analysen, da die Chromosomen zum Teil durch ihre unterschiedliche Größe identifiziert werden können. COLLINS bastardierte *Crepis biennis* mit *Cr. setosa*, erstere ist tetraploid mit $2n = 40$, *setosa* aber nur 8-chromosomig. Auf die gleiche Weise wie bei *Viola* entsteht auch hier eine Pflanze mit 12 Bivalenten = 10 Biv. *biennis* + 2 Biv. *setosa*, wobei durch Testrückkreuzung die beiden *Setosa*-Chromosomen als je das kleinste und das größte des Satzes identifiziert werden können. Die neue Form wurde *Crepis artificialis* genannt.

Vielleicht ist es möglich einen ähnlichen Artbildungsvorgang auch mit den *Triticum-Agropyrum*-Bastarden künstlich zu erreichen, wenn eine jahrelange Konstanz der 44-chromosomigen Familien nachgewiesen werden kann. Doch scheint die Aussicht auf eine dauerhafte Verbindung einzelner Bivalente mit dem ganzen Chromosomensatz des Weizens ungünstiger zu sein als diejenige eines ganzen Genoms.

b) Substitutionsbastarde

Durch zahlreiche Untersuchungen ist nachgewiesen, daß in polyploiden Arten Verlust von Chromosomen oder Chromosomenpaaren nicht die Lebensfähigkeit der Pflanzen zu beeinträchtigen braucht, da innerhalb des Chromosomensatzes vervielfachte Segmente mit gleichen Genloci enthalten sind. Nur in diesen polyploiden Arten besteht also die Möglichkeit, das fehlende zu ergänzen durch ein Chromosom bzw. Chromosomenpaar aus einer fremden Herkunft, wobei das neu eingefügte ganz andere Gene enthalten kann als das, dessen Platz es nun einnimmt. Dieser Vorgang wurde von O'MARA (1950) mit Substitution bezeichnet. Entscheidend ist dabei wieder die Lebensfähigkeit der Gameten.

Für *Triticale* gibt O'MARA (1950) folgende Zahlen an:

n	20 + 1 <i>Trit.</i>	60%
n - 1	20	6%
n + 1	20 + 1 <i>Trit.</i> + 1 <i>Sec.</i>	8%
n - 1 + 1	20 + 1 <i>Sec.</i>	26%

Der Prozentsatz an lebensfähigen Gameten wurde festgestellt an F_1 Pflanzen aus der Kreuzung von $(2n = 40 \text{ *Triticum* + 2 *Secale*)} \times 2n = 42 \text{ *Triticum*}$. Die F_1 enthält $\frac{20 + 1 \text{ *Sec.*}}{20 + 1 \text{ *Trit.*}}$. Es ist in diesem Fall bemerkenswert, daß die Substitutionsgameten dreimal besser in der Lebensfähigkeit sind als die Additions-gameten.

NISHIJAMA (1939) stellte aus der Bastardierung zwischen *Avena fatua* und *barbata* entsprechende Sub-

stitutionsformen her. Unter den verschiedenen Aneuploiden erhält er in F'_5 auch Pflanzen, mit $2n = 42$ (21 Biv.) und $2n = 44$ (22 Biv.), die je aus 20 *fatua*- und 2 bzw. 4 *barbata*-Chromosomenpaaren bestehen. Die Analyse führte er mit Hilfe von Testkreuzungen mit *Avena fatua* durch. Auch bei *Nicotiana* konnte GERSTEL (1946) außer den Additionsbastarden zwischen *Nicotiana tabacum* und *glutinosa* Pflanzen herstellen, bei denen ein *glutinosa*-Paar in ein nullisomes *Nicotiana tabacum* eingefügt ist. Das ersetzte Chromosomenpaar konnte als das H-Chromosom identifiziert werden. Diese Substitutionsform hat als resistenter Stamm in der praktischen Tabakzüchtung Bedeutung gewonnen.

Als Nachweis für die Substitution kann auch im Weizenqueckenmaterial die Paarung der Chromosomen der Bastarde mit Weizen gelten, unter der Voraussetzung, daß die Paarung durch Homologie bedingt ist. Bastarde, die mit Weizen weniger als 21 Chromosomenpaare bilden, zeigen damit an, daß sie nicht mehr 21 dem Weizen homologe Chromosomen enthalten. Die Anzahl der neu angefügten Chromosomen kann variieren. Unter den stabilisierten Linien können folgende als Substitutionsformen bezeichnet werden:

$2n = 42$ und weniger als 42	TA 2 und TA 15 III
$2n = 56$ und 54	(TA 6 und 9?) TA 15 IV (OHLENDORF 1952)

Ob TA 6 und 9 auch zu den Substitutionsbastarden gerechnet werden können, ist nicht ganz eindeutig, da die Paarung mit einem Prozentsatz von 10 bzw. 17% (Tab. 7) vollständig ist. Es wäre auch die Annahme berechtigt, daß in diesem Fall Austausch von Chromosomensegmenten zwischen *Triticum* und *Agropyrum* die Chiasmenbildung beeinträchtigt. Die starke Multivalentbildung in RF_1 läßt derartige Komplikationen vermuten.

Eine andere Möglichkeit, substituierte Pflanzen zu erhalten, besteht darin, aus Rückkreuzungsnachkommen der Additionsbastarde mit Weizen die Pflanzen auszuwählen, die nur 20 Bivalente bilden. So wäre es denkbar, daß zum Beispiel eine Pflanze mit $2n = 44$ und $20^{II} \text{ *Triticum* + 2^I \text{ *Triticum* + 2^I \text{ *Agropyrum*}}$ Gameten ergibt von der Konstitution $20 \text{ *Triticum* + 1-2 \text{ *Agropyrum*}}$. Aus einer günstigen Gametenkombination könnten Pflanzen mit $20^{II} \text{ *Triticum* + 1^{II} \text{ *Agropyrum*}}$ erwartet werden. Das bedeutet also, daß diese Pflanzen 42-chromosomig und, falls es sich um die Resistenzchromosomen aus *Agropyrum* handelt, resistent sein müßten. Unter den F_2 -Pflanzen aus der doppelten Rückkreuzung der Linie TA 7 mit *Triticum aestivum*, sind, unabhängig von der Resistenz, 26,7% der Pflanzen mit 19 und 20 Chromosomenpaaren gefunden (S. 343). Von den drei daraus nachgebauten und cytologisch untersuchten Familien (Tab. 12 Nr. 53, K 34, 45 und 42) waren von insgesamt 99 Pflanzen sämtliche 42-chromosomigen anfällig. Auch in RF_4 (Tab. 13) wurde die Resistenz nicht in Pflanzen mit $2n = 42$ beibehalten. Da das bisher cytologisch kontrollierte Rückkreuzungsmaterial noch nicht sehr umfangreich ist, bleibt die Möglichkeit offen, unter größeren Pflanzenzahlen entsprechende Typen zu finden.

c) Austauschformen

Der günstigste Fall, der bei der Kombination zweier nichtverwandter Arten eintreten kann, ist der, daß die

Länge der Chromosomensegmente, die die erwünschten Gene enthalten, auf ein Minimum beschränkt ist.

Der meines Wissens einzige exakte Nachweis einer Translokation eines Chromosomenstückes aus einer Art an ein Chromosom einer anderen Art ist bei *Godetia* durch die Arbeiten von HIORTH (1947) und HÅKANSSON (1943) gebracht worden. Bei dieser Artengruppe sind die cytologischen und genetischen Verhältnisse gründlich studiert worden, so daß mit einem Markierungsgen gearbeitet werden konnte. Aus der Bastardierung zwischen *Godetia witney* und *deflexa*, zwei Arten, die nicht miteinander verwandt sind, wurde eine Pflanze mit zwei *witney*- und einem *deflexa*-Genom gefunden. Nach Rückkreuzung mit *witney* entstanden unter anderem auch Trisome mit 14 *witney*- + 1 *deflexa*-Chromosomen. Einige dieser Trisome enthielten das dominante Gen für Rotnervigkeit der Blätter, also ein sehr günstig zu analysierendes Merkmal. Der Versuch, mit Hilfe von Röntgenstrahlen eine Translokation zwischen dem univalenten Chromosom aus *deflexa* und einem des *witney*-Satzes zu verursachen, glückte. Mit dem bestrahlten Pollen der $2n + 1$ -Pflanze wurden normale $2n$ -Pflanzen bestäubt und die Spaltungszahlen der Rotnervigen unter den Nachkommen untersucht. Die meisten Pflanzen spalteten etwa 5% rotnervige, bis auf eine Ausnahme mit 50%. Diese Ausnahmepflanze hatte 7 Bivalente, von denen eines heteromorph, d. h. aus zwei Chromosomen verschiedener Länge zusammengesetzt war. Die Rotnervigkeit blieb auch in den folgenden Generationen konstant. Eine Abspaltung von etwa 1–3% grünerviger Pflanzen in jeder Generation deutet HIORTH als Wiederausstoßung des angehefteten Stückes. Die gleichlaufende Kontrolle der Nachkommen aus unbehandelten Trisomen mit dem gleichen Gen ergab, daß unter 40 000 untersuchten Pflanzen keine spontane Mutation aufgetreten war.

Der Austausch zwischen Weizen und Quecken wird vor allem in der F_1 zu erwarten sein, wobei bevorzugt die Genome X (*Agropyrum*) und D (*Triticum*) an der Paarung beteiligt sein dürften (GAUL 1953a). Jedoch wurde wiederholt dargestellt, wie selten die Gameten, die wirklich eine Reduktionsteilung passiert haben, zur Befruchtung kommen und an der Ausbildung fertiler Pflanzen beteiligt sind. Gelingt es aber, eine solche Nachkommenschaft aufzuziehen, müssen theoretisch auch in älteren stabilisierten Generationen Austauschchromosomen vorhanden sein (TA 15), die aber nur dann exakt nachweisbar sind, wenn sie markante Gene betreffen. Auch die cytologische Analyse der Test- F_1 wird nur in den Fällen ein klares Bild geben, in denen das translozierte Chromosom deutlich in der Größe abweicht oder das *Agropyrum*-Segment an mehr als einem Schenkel des Chromosoms in der Länge beteiligt ist. Je kleiner dagegen die *Agropyrum*-Anteile eines Chromosoms sind, desto weniger sind sie cytologisch nachweisbar. In der Familie TA 15 IIa wurde versucht, einen solchen Austauschvorgang zu demonstrieren. Als markantes Gen war hier die Behaarung des *Agropyrum intermedium trichophorum* benutzt, das in die Weizensorte Carsten V eingeführt ist, ohne die Zahl $2n = 42$ mit 21^{II} zu verändern. Die Test- F_1 mehrerer solcher behaarter Ca V-Pflanzen mit Ca V zeigt kaum Abweichung vom normalen Paarungsbild. Nur in einigen Nummern wird auf heteromorphe oder offene Bivalente hingewiesen (Tab. 3).

Aber auch in Material, das aus unreduzierten F_1 -Gameten stammt, ist die Entstehung von Translokationschromosomen möglich durch spontane Paarung zwischen *Triticum*- und *Agropyrum*-Chromosomen. In diesen Fällen wird die Translokation zwischen Chromosomen der J-Genome aus *Agropyrum* und A-, B- oder D-Genomen von *Triticum* stattfinden. Der Prozentsatz an derartigen spontanen Austauschvorgängen kann ermittelt werden bei der Analyse der Meiosis der Rückkreuzungsnachkommenschaften. In Tab. 10 sind die PMZ zusammengestellt, in denen vermutlich *Triticum* und *Agropyrum* gemeinsam an der Bildung von Multivalenten beteiligt sind, wie z. B. $20^{II} + 1^{III}$ oder $19^{II} + 1^V$. Schon in der F_1 beträgt der Prozentsatz unter 1980 PMZ = 1,6%, in der zweiten Rückkreuzung- F_1 (R_2F_1) sogar unter 2168 PMZ = 7,5%. Die Chance, daß Gameten mit auf diese Weise translozierten Chromosomen zur Befruchtung kommen, ist relativ gering, aber doch theoretisch denkbar. Versuche, die Translokationsrate mit Hilfe von Röntgenstrahlen künstlich zu steigern, sind in Angriff genommen.

Auch hier muß auf jeden Fall als Markierung für das *Agropyrum*-Chromosom die Rostresistenz dienen. Die Resistenz der Quecke ist, im Gegensatz zu der bisher bekannten aus dem Weizensortiment, gegenüber zahlreichen Biotypen, besonders des Braunrostpilzes, wirksam. Dieses Gen oder die Gengruppe kann nach den vorliegenden Untersuchungsergebnissen auf einem kleinen Teil eines *Agropyrum*-Chromosoms lokalisiert sein. Außerdem wird die Wirkung schon eines einzelnen monosomen *Agropyrum*-Chromosoms in bezug auf die Krankheitswiderstandsfähigkeit stärker sein als alle im Chromosomensatz des Weizens vorhandenen entsprechenden Gene. Es bleibt zu prüfen, ob es sich in resistenten Linien aus verschiedenen *Triticum-Agropyrum*-Kombinationen um dasselbe spezifische *Agropyrum*-Chromosom handelt. Ferner wäre zu fragen, ob durch den Einbau dieses Chromosomensegments in den Weizen-Chromosomensatz die Wirkung dieser Gene abgeändert oder geschwächt wird, ob ein Positionseffekt auf das verpflanzte Stück von Bedeutung sein könnte.

Zusammenfassung

1. An Weizen-Quecken-Bastarden, die aus reduzierten F_1 -Gameten abstammen, wurde die Stabilisierung künstlicher Chromosomensätze gezeigt. Es konnte eine Familie mit einem substituierten Chromosom (ein Weizen- durch ein Queckenchromosom ersetzt) (TA 15 III), wie auch eine Linie mit einem Translokationschromosom (TA 15 IIa) wahrscheinlich gemacht werden.
2. Die Entstehung von konstanten Bastarden, in denen ein ganzes Genom der Quecke, *Agropyrum intermedium*, an die Weizengenome addiert ist, wurde an jungen Generationen einer Linie beschrieben (TA 25). Die Identität der addierten *Agropyrum*-Genome in verschiedenen Bastardlinien wurde durch Kreuzungskombinationen mit Amphidiploiden geprüft.
3. Es wird ein ausführlicher Bericht über die Ergebnisse der Rückkreuzung von resistenten Additionsbastarden mit *Triticum aestivum* gegeben. Auf Grund der starken Elimination der *Agropyrum*-Chromosomen in den Folgegenerationen ist es möglich, Pflanzen zu isolieren, in denen das spezielle Resistenz-Chro-

mosom aus *Agropyrum* mono- oder disom an den Weizen-Chromosomenbestand addiert ist.

Ich danke Herrn Professor RUDORF für die Unterstützung dieser Arbeit und Fräulein TRUCKENBRODT für die sorgfältige Ausführung der technischen Arbeiten.

Literatur

1. ARMSTRONG und STEVENSON: The effects of continuous line selection on *Triticum-Agropyron* hybrids. Emp. J. Exp. Agric. 15, 51—64; PBA 17, 975. (1947). — 2. CLAUSEN: Genetical and cytological investigations on *Viola tricolor* L. and *Viola arvensis* Murr. Hereditas 8, 1—156 (1926). — 3. COLLINS, HOLLINGSHEAD and AVERY: Interspecific hybrids in *Crepis*. III. Constant forms containing chromosomes derived from two species. Genetics 14, 305 (1929). — 4. GAUL: Genomanalytische Untersuchungen bei *Triticum* × *Agropyrum intermedium* unter Berücksichtigung von *Secale cereale* × *A. intermedium*. Z. f. Vererbungslehre 85, 505—546 (1953a). — 5. GAUL: Asynapsis und ihre Bedeutung für die Genomanalyse. Z. f. Vererbungslehre 86, 69—100 (1953b). — 6. GERSTEL: Inheritance of *Nicotiana tabacum*. XIX. Identification of the *tabacum* chromosome replaced by one from *N. glutinosa* in mosaic resistant Holmes Samsoun tobacco. Genetics 30, 448—454 (1945). — 7. GERSTEL: XX. The addition of *Nicotiana glutinosa* chromosomes to tobacco. J. Hered. 36, 197—206 (1945). — 8. GERSTEL: XXI. The mechanism of chromosome substitution. Genetics 31, 421—427 (1946). — 9. HÄKANSSON. An interspecific translocation causing changed segregation ratios. Hereditas 29, 186 (1943). — 10. HIORTH: Eine Translokation zwischen einem *Godeitia witney* und einem

Godeitia deflexa-Chromosom. Z. f. Vererbungslehre 80, 565 (1942). — 11. HIORTH: Über drei allotrisome Typen sowie eine interspezifische Translokation aus *Godeitia witney* × *G. deflexa*. Biol. Zentr. 66, 106 (1947). — 12. KATTERMANN: Chromosomenuntersuchungen bei halmbehaarten Stämmen aus Weizen-Roggen-Bastardierung. Z. f. Vererbungslehre 73, 1—48 (1937). — 13. KATTERMANN: Das Verhalten des Chromosoms für Behaarung roggenbehaarter Nachkommen aus Weizen-Roggen-Bastardierung in neuen Kreuzungen mit Roggen und Weizen. Z. f. Vererbungslehre 74, 1—16 (1940). — 14. LAMMERTS: Interspecific hybridization in *Nicotiana*. IX. Further studies of the cytology of the backcross progenies of the *paniculata-rustica* hybrid. Genetics 14, 286 (1929). — 15. LEIN: Die genetische Grundlage der Kreuzbarkeit zwischen Weizen und Roggen. Z. f. Vererbungslehre 81, 28—61 (1943). — 16. NISHIYAMA: Cytogenetical studies in *Avena*. II. On the progenies of pentaploid *Avena* hybrids. Cytologia 10, 89 (1939). — 17. OHLENDORF: Cytologische Untersuchungen an Weizen-Queckenbastarden. Züchter 22, 34—59 (1952). — 18. O'MARA: The effects of chromosome substitution on competition between gametes. Genetics 35, 682 (1950). — 20. SAUNDERS und LAUBSCHER: Field experiments at Potchefstroom. Sci. Bull. Dep. Agric. S. Afr. PBA 18, 28 (1945). — 21. SEARS: Nullisomic analysis in common wheat. Amer. Nat. 87, (1953). — 22. SMITH, D. C.: Intergeneric hybridization of cereals and other grasses. J. Agr. Res. 64, 33—47 (1942). — 23. SUNESON und POPP: Progress with *Triticum* × *Agropyron* crosses in California. J. Amer. Soc. Agron. 38, 956—963 (1946). — 24. ZIZIN: The problem of *Triticum-Agropyron* hybrids. Ogiz-Selkhozgiz 1937. PBA 9, 189 (1937). — 25. ZIZIN: Hybridization — a powerful method in Michurins plant breeding. Vestnik Gibrizacii. PBA 12, 975 (1941).

(Aus dem Institut für Acker- und Pflanzenbau der Universität Rostock)

Über den Einfluß verschiedener Anbaumethoden auf Ertrag und Pflanzgutwert der Kartoffel

Von H. GOERLITZ

Mit 8 Textabbildungen

Die Ertragsleistung der Kartoffeln ist entschieden von der Qualität des verwendeten Pflanzgutes abhängig. In allen in größerem Umfang Kartoffelanbau betreibenden Ländern kommt daher der Züchtung resistenter Sorten und der Erzeugung gesunden Pflanzgutes eine große Bedeutung zu. Bekanntlich sind Erfolge in der Resistenzzüchtung aber nur durch jahrelange Arbeit zu erreichen, während die Verbesserung der Pflanzguterzeugung kurzfristig zu höheren Erträgen in der Praxis führt.

Auf Versuchsergebnissen und Erfahrungstatsachen aufbauend, sind in verschiedenen Ländern Methoden zur Erzeugung gesunden Pflanzgutes entwickelt worden, von denen die gebräuchlichsten in der vorliegenden Arbeit auf ihre Anwendbarkeit in Mecklenburg geprüft werden.

Die „Deutsche Methode“ der Pflanzkartoffelerzeugung ist durch folgende Faktoren gekennzeichnet:

1. Das Pflanzgut wird ohne besondere Vorbereitung, meist direkt aus der Miete kommend, gepflanzt.
2. Der Pflanztermin liegt im Anschluß an die Bestellung des Sommergetreides Anfang bis Mitte Mai, auf leichten Böden etwas früher.
3. Zur Verminderung der Infektionsgefahr muß eine Mindestentfernung von kranken Nachbarbeständen von 20 m eingehalten werden. Viruskranke Stauden werden, sobald Krankheitssymptome zu erkennen sind, durch 2—3malige Selektion in gewissen Zeitabständen aus den zur Pflanzguterzeugung bestimmten Beständen entfernt.

4. Die Ernte erfolgt nach dem Absterben des Krautes, in Mittelgebirgslagen etwas eher, da Spätsorten dort kaum vor dem ersten Frost absterben.

5. Der gesamte Ertrag wird sofort nach der Ernte eingemietet und möglichst erst im Frühjahr sortiert.

Sie hat außerhalb Deutschlands in den östlichen Ländern, z. B. in Polen, in der Tschechoslowakei und in den nördlichen Teilen der Sowjetunion weite Verbreitung gefunden und wird dort meist auf großen Flächen angewendet.

Wesentliche Punkte der „Holländischen Anbaumethode“, bei der die Vegetationszeit der Kartoffeln in die Frühjahrs- und Vorsommermonate verlegt wird, sind folgende:

1. Das Pflanzgut wird in Vorkeim- oder Lagerhäusern im zeitigen Frühjahr vorgekeimt.
2. Der Pflanztermin liegt im März/April, sobald es die Witterung erlaubt.
3. Die Selektion kranker Stauden wird in mehrfacher Wiederholung von besonders spezialisierten Fachkräften durchgeführt.
4. Entsprechend den Feststellungen zu diesem Zweck eingerichteter Blattlausbeobachtungsstationen wird das Kraut der Kartoffeln eine gewisse Zeit nach Beginn des Sommerfluges der Blattläuse entfernt.
5. Die Ernte kann erst beginnen, wenn die unreifen Knollen schalenfest geworden sind. Der Zeitpunkt ist etwa 14 Tage nach dem Krautziehen gegeben.