

# FID Biodiversitätsforschung

## Decheniana

Verhandlungen des Naturhistorischen Vereins der Rheinlande und  
Westfalens

Beitrag zur Chemotaxonomie einheimischer Wildleguminosen - mit 2  
Tabellen und 5 Abbildungen

**Klein, Vera**

**1986**

---

Digitalisiert durch die *Universitätsbibliothek Johann Christian Senckenberg, Frankfurt am Main* im  
Rahmen des DFG-geförderten Projekts *FID Biodiversitätsforschung (BIOfid)*

---

### **Weitere Informationen**

Nähere Informationen zu diesem Werk finden Sie im:

*Suchportal der Universitätsbibliothek Johann Christian Senckenberg, Frankfurt am Main.*

Bitte benutzen Sie beim Zitieren des vorliegenden Digitalisats den folgenden persistenten  
Identifikator:

[urn:nbn:de:hebis:30:4-191279](https://nbn-resolving.org/urn:nbn:de:hebis:30:4-191279)

## Beitrag zur Chemotaxonomie einheimischer Wildleguminosen

Vera Klein

Mit 2 Tabellen und 5 Abbildungen

(Eingegangen am 1. 7. 1985)

### Kurzfassung

Zur Charakterisierung von 12 Arten der Gattungen *Lathyrus* und *Trifolium* wurden die Samen auf ihren Proteingehalt und die Proteinzusammensetzung hin untersucht. Das Saatgut entstammte Wildpopulationen des Rheinlandes (Westerwald, Eifel, Siegburger Bucht). Die durch Gelelektrophoresen erhaltenen Ergebnisse wurden unter taxonomischen Aspekten diskutiert. Die Samenproteine zeigten immer ein artspezifisches Muster. Außerdem wurden bei einigen Arten Samen verschiedener Standorte untersucht, um mögliche Umwelteinflüsse auf das Proteinmuster zu erkennen.

### Abstract

For the characterization of 12 species of the genera *Lathyrus* and *Trifolium* the seeds were examined for their protein content and composition. The seeds were collected from wild populations of the Rhineland (Westerwald, Eifel, Siegburger Bucht; Federal Republic of Germany). The results obtained by gelelectrophoresis were discussed under taxonomic aspects. Seed protein patterns were always species specific. For some species the seeds of different habitats were examined to show possible environmental influences on the protein patterns.

### 1. Einleitung

Die Mehrzahl unserer Kulturpflanzen hat im Vergleich zu ihren Ausgangsformen Merkmale wie z. B. Resistenzen gegen Krankheitserreger weitgehend verloren. Deshalb wird heute vielerorts versucht, das in Wildpflanzen vorhandene Potential zu erfassen, um es bei Bedarf in Kulturformen einkreuzen zu können.

Wildpflanzen zeigen eine große Variabilität in vielen Merkmalen. Diese Variabilität drückt sich sowohl in quantitativen Eigenschaften wie z. B. der Samenproduktion und -proteinmenge als auch in qualitativen Merkmalen aus. Zu ihrer Charakterisierung eignen sich insbesondere die Samenproteine, die als primäre Genprodukte, nach der Untersuchung der Gene selbst, am ehesten erlauben, Rückschlüsse auf die genotypische Situation zu ziehen. Hinzu kommt, daß die Samen als im Ruhestadium befindliche Organismen keiner ontogenetischen Veränderung unterliegen. Somit lassen sich Samenproteine verschiedener Arten miteinander vergleichen.

Samenproteine lassen sich sowohl quantitativ als auch qualitativ mittels gelelektrophoretischer Verfahren charakterisieren. Mit den letztgenannten Methoden können die Samenproteine in zahlreiche Fraktionen aufgetrennt werden. Die nach Anfärbung sichtbaren Bandenmuster sind artspezifisch und ermöglichen zusätzlich zur Artcharakterisierung auch Antworten auf chemotaxonomische und evolutionäre Fragestellungen (BOULTER, THURMANN & TURNER 1966, LADIZINSKY 1979).

Über die Samenproteine von Wildleguminosen ist nur wenig bekannt. Angaben zur mengenmäßigen Verteilung von Proteinen in verschiedenen Arten der teilweise auch landwirtschaftlich genutzten Gattungen *Lathyrus* und *Trifolium* finden sich kaum. Dagegen liegen über die qualitative Proteinzusammensetzung vereinzelte Befunde vor (DANIELSSON 1949, BOULTER, THURMANN & DERBYSHIRE 1967, PRZYBYLSKA & HURICH 1971, MISSET 1977, WOLFF 1980). Es war deshalb das Ziel der vorliegenden Untersuchung, die genetische Variabilität von 12 *Lathyrus*- und *Trifolium*-Arten des Rheinlandes (Westerwald, Eifel, Siegburger Bucht) zu erfassen. Anhand der Proteinspektren wurden die Arten charakterisiert, miteinander verglichen, bei einigen Arten mögliche Umwelteinflüsse untersucht und zugleich die Ergebnisse in Beziehung zur Taxonomie gesetzt.

## 2. Material und Methoden

Zur Untersuchung wurden Samen der in Tab. 1 aufgelisteten Arten der Gattungen *Lathyrus* und *Trifolium* gesammelt. Das Sammeln erfolgte 1983 an den in Tab. 1 angegebenen Standorten. Es wurde für jede Population ein repräsentativer Querschnitt untersucht. Eine Schwierigkeit bei der Untersuchung der Wildpflanzen lag darin, zu erkennen, ob es sich bei den intensiv genutzten *Trifolium*-Arten *T. hybridum*, *T. pratense* und *T. repens* überhaupt um Wildpflanzen handelte oder ob die Populationen aus verwilderten Zuchtformen oder gar aus kultivierten Pflanzen bestanden. Trotzdem wurden auch diese Arten in die Untersuchung mit einbezogen.

100 mg Samenmehl wurden in 10 ml Phosphatpuffer pH 7, 0,5 M NaCl 1 h lang extrahiert und danach zentrifugiert [15 min, 8000 Umdrehungen pro Minute (Upm), 4 °C, JA 20]. Der Überstand wurde über Nacht bei 4 °C gegen Aqua dest. dialysiert und anschließend lyophilisiert.

Lösliches Protein wurde nach POLLACK & SCHACTERLE (1973) bestimmt. Die Muster der Proteinuntereinheiten wurden mit Hilfe der SDS-Tris-Glycin-Gradientengelelektrophorese nach MURRAY & KEY (1978), modifiziert von HERLT (1979), die der nichtdissoziierten Proteine durch eine basische Gelelektrophorese bei pH 8,8 nach ALLLAND, HACKLER & KNOCH (1980), modifiziert, ermittelt. Unspezifische Esterasen wurden im basischen Gelelektrophoresesystem pH 8,8 aufgetrennt und nach BLAICH (1978) angefärbt. Gele wurden zur Dokumentation fotografiert und die Rf-Werte<sup>1)</sup> der Proteinbanden bestimmt. Einzelheiten sind KLEIN (1985) zu entnehmen.

## 3. Ergebnisse

### 3.1. Samenproteingehalt

Die Variabilität des Merkmals Samenproteingehalt wird in Abb. 1 veranschaulicht. Die Proteinwerte liegen zwischen 16,5% bei *T. hybridum* und 29,7% bei *L. tuberosus*. Innerhalb der Gattung *Trifolium* differieren die Proteinwerte stärker als bei *Lathyrus*. Doch enthalten vergleichbare Mengen Samenmehl beider Gattungen teilweise ähnliche Mengen an Protein.

Kennziffer	Art	Standort
1	<i>L. niger</i>	Stolzenburg/Eifel
2	<i>L. pratensis</i>	Asbach-Walgenbach/Westerwald
3	<i>L. sylvestris</i>	Antweiler/Eifel
4	<i>L. tuberosus</i>	Iversheim/Eifel
5	<i>T. arvense</i>	St. Augustin-Niederpleis
6	<i>T. campestre</i>	St. Augustin
7	<i>T. dubium</i>	St. Augustin
8	<i>T. hybridum</i>	Asbach-Walgenbach/Westerwald
9	<i>T. medium</i>	Dahlem/Eifel
10	<i>T. montanum</i>	Ripsdorf/Eifel
11	<i>T. pratense</i>	Asbach-Walgenbach/Westerwald
12	<i>T. repens</i>	Stockhausen/Westerwald
13	<i>L. pratensis</i>	Aschau/Chiemgau
14	<i>L. sylvestris</i>	St. Augustin
15	<i>T. campestre</i>	Niederpleis (R)
16	<i>T. campestre</i>	Niederpleis (F)
17	<i>T. dubium</i>	Asbach-Walgenbach/Westerwald
18	<i>T. hybridum</i>	Asbach-Walgenbach/Westerwald
19	<i>T. medium</i>	Asbach-Walgenbach/Westerwald
20	<i>T. repens</i>	St. Augustin

Tabelle 1. Übersicht der untersuchten Leguminosenarten und ihrer Standorte.

- L. = *Lathyrus*,  
 T. = *Trifolium*,  
 R. = Ruderalfläche,  
 F. = Feldrain.

<sup>1)</sup> Laufstrecke der Proteinbande  
 $Rf = \frac{\text{Laufstrecke der Proteinbande}}{\text{Laufstrecke der Laufmittelfront}}$

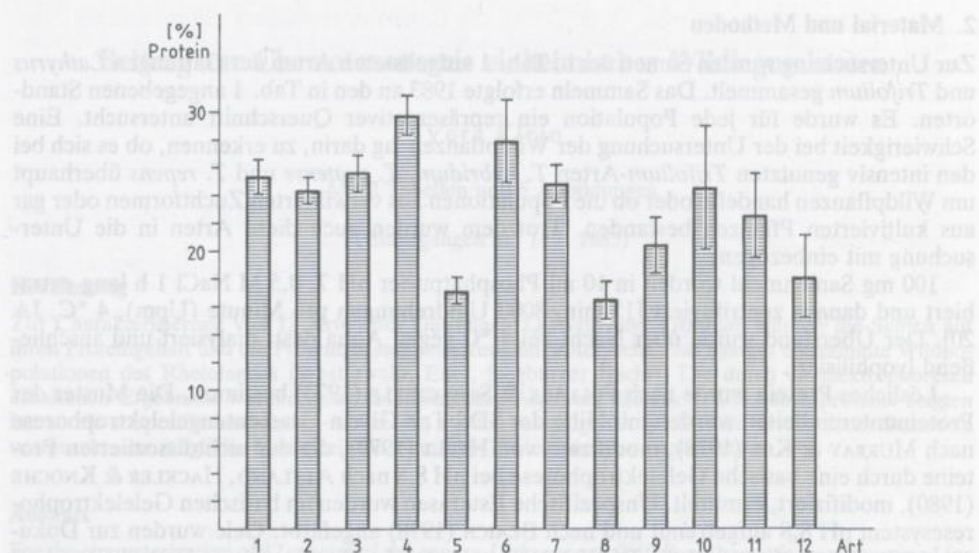


Abbildung 1. Samenproteingehalt.

I = Minimal- und Maximalwerte, Kennziffern zu den Arten siehe Tab. 1.

### 3.2. SDS-Gelelektrophorese von Gesamtextrakten

Mit Hilfe der SDS-Gelelektrophorese werden die Proteinmonomere nach ihrer Größe aufgetrennt. Dazu werden die Proteine reaktiv in ihre Untereinheiten gespalten und mit Natriumdodecylsulfat (SDS) beladen. Das Ergebnis ist eine scharfe, reproduzierbare Auftrennung (STEGEMANN & PIETSCH 1983).

Abb. 2 zeigt ein charakteristisches Elektropherogramm. Zu sehen ist eine große Anzahl von Banden, die sich in Farbintensität und Breite unterscheiden. Jede Art läßt sich dadurch anhand ihres Bandenmusters eindeutig identifizieren. Es bestehen jedoch deutliche Unterschiede in den Bandenmustern beider Gattungen, auch innerhalb jeder Gattung differieren die Muster. Bei den 4 *Lathyrus*-Arten lassen sich mit 36–44 Banden mehr Proteinbanden

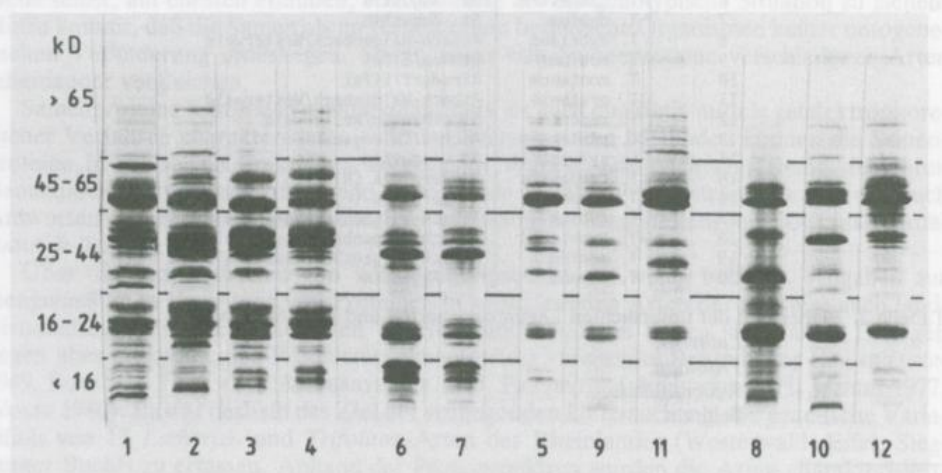


Abbildung 2. SDS-Elektropherogramm, nach Ähnlichkeit der Proteinmuster geordnet. Kennziffern zu den Arten siehe Tab. 1.

nachweisen als bei den *Trifolium*-Arten (24–32 Banden). Vor allem im Molekulargewichtsbereich von 16–45 kD besitzt *Lathyrus* die größere Bandenzahl.

In einigen Molekulargewichtsbereichen ( $> 65$ , um 48, zwischen 20 und 17 kD; kD = Kilodalton) zeigen die untersuchten *Lathyrus*-Arten ein  $\pm$  einheitliches Muster. Die größte interspezifische Übereinstimmung läßt sich bei *L. sylvestris* und *L. tuberosus* nachweisen.

Bei der Gattung *Trifolium* zeigen die Arten *T. campestre* und *T. dubium* ein deutlich übereinstimmendes, jedoch von den anderen Arten dieser Gattung abweichendes Proteinmuster. Die übrigen sechs *Trifolium*-Arten lassen sich nach ihren Proteinmustern in zwei weitere Gruppen unterteilen: Zum einen in die Gruppe aus *T. arvense*, *T. medium* und *T. pratense* und zum anderen in die Gruppe aus *T. hybridum*, *T. montanum* und *T. repens*. Die Ähnlichkeit innerhalb dieser Gruppen erreicht aber nicht den hohen Grad an Übereinstimmung wie bei *T. campestre* und *T. dubium*.

Um mögliche Umwelteinflüsse auf das Proteinmuster festzustellen, wurden sieben Arten von jeweils 2–3 Standorten mit Hilfe der SDS-Gelelektrophorese untersucht. Ein typisches Elektropherogramm zeigt Abb. 3. Die Proteinmuster einer Art von verschiedenen Standorten stimmen bis auf wenige Ausnahmen überein. *Lathyrus sylvestris*, *L. pratensis*, *Trifolium medium* und *T. repens* zeigen keine standortbedingten Unterschiede. Bei *T. hybridum* lassen sich nur Intensitätsunterschiede erkennen. Zwei Standorte von *T. campestre* (Niederpleis/R und F) weisen gegenüber *T. campestre* (St. Augustin) im Bereich um 45 kD eine zusätzliche Bande auf (Pfeil in Abb. 3). Die Samenproteine von *T. dubium* (Asbach) besitzen gegenüber *T. dubium* (St. Augustin) ebenfalls eine zusätzliche Bande mit einem Molekulargewicht von ca. 38 kD.

### 3.3. Basische Gelelektrophorese bei pH 8,8

Die Muster undissoziierter Proteine werden häufig zur Untersuchung interspezifischer Unterschiede und Gemeinsamkeiten genutzt (z. B. SAHAI & RANA 1977). Um die bei der SDS-Gelelektrophorese erhaltenen Artengruppen zu überprüfen, wurden deshalb auch die Muster der nichtdissoziierten Proteine miteinander verglichen. Dabei wurden, wie schon bei der SDS-Gelelektrophorese, von einigen Arten Samenproteine verschiedener Herkunft aufgetrennt. Die Rf-Werte eines typischen Elektropherogramms sind in Abb. 4 dargestellt.

Für die meist schwach ausgeprägten Proteinbanden wurden Rf-Werte zwischen 0,02 und 0,98 bestimmt. Das Proteinmuster ist wieder für jede Art charakteristisch, es lassen sich

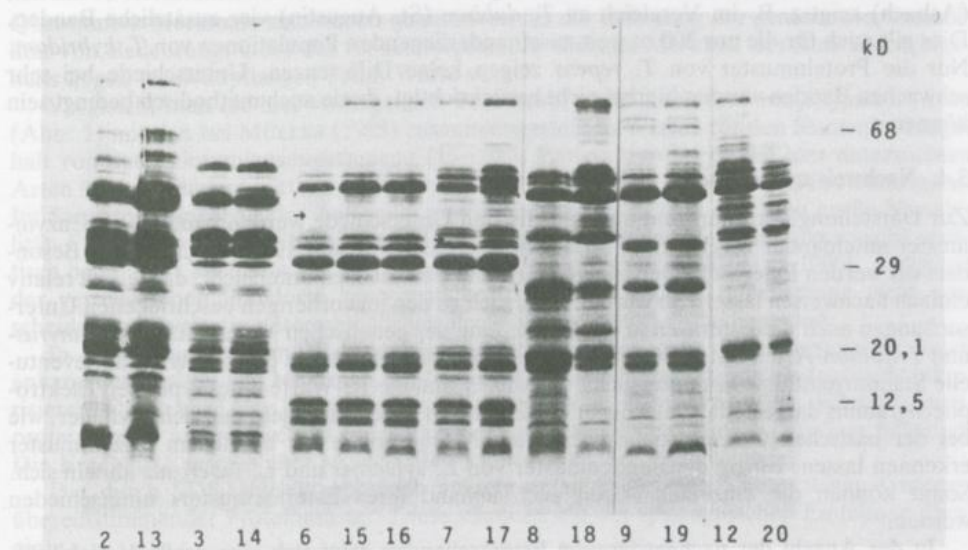


Abbildung 3. Auswirkungen von Standortunterschieden auf das SDS-Elektropherogramm. Kennziffern zu den Arten siehe Tab. 1.

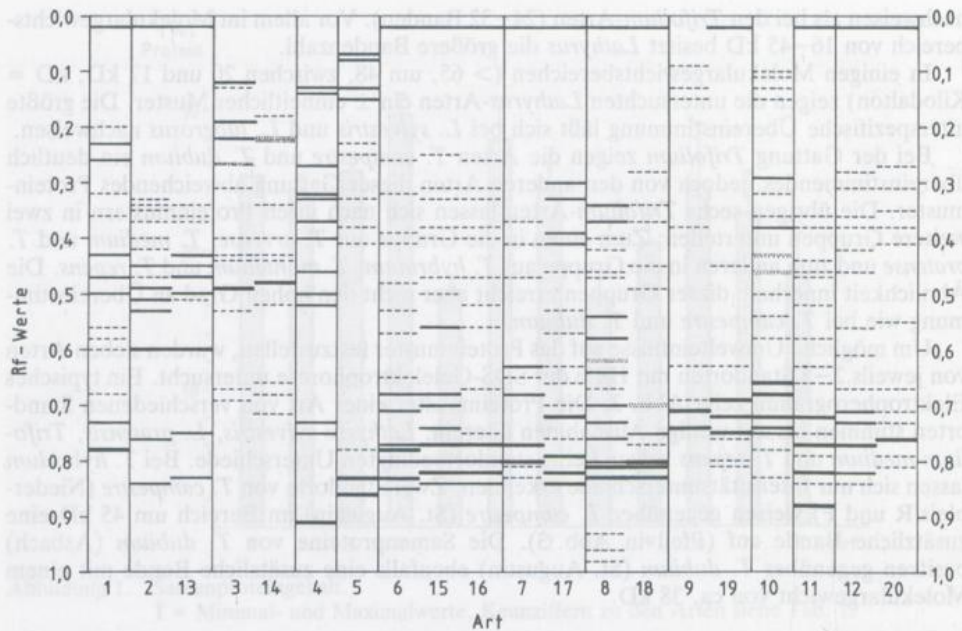


Abbildung 4. Rf-Werte der Proteine nach Auftrennung mit Hilfe der basischen Gelelektrophorese pH 8,8. Kennziffern zu den Arten siehe Tab. 1.

jedoch im Gegensatz zur SDS-Gelelektrophorese keine Gruppen mit ähnlichen Proteinmustern erkennen. Für die Identifikation der Arten ist die Lage der intensiv gefärbten Proteinbanden (Rf-Werte zwischen 0,49 und 0,91) ein hilfreiches Merkmal. Die untersuchten *Lathyrus*-Arten weisen jeweils nur eine, die *Trifolium*-Arten zwei bis mehrere derartige Banden auf.

Deutlich zu erkennen sind standortbedingte Unterschiede im Proteinmuster. *T. dubium* (Asbach) zeigt z. B. im Vergleich zu *T. dubium* (St. Augustin) vier zusätzliche Banden. Dies gilt auch für die nur 300 m weit auseinanderliegenden Populationen von *T. hybridum*. Nur die Proteinmuster von *T. repens* zeigen keine Differenzen. Unterschiede bei sehr schwachen Banden wurden hierbei nicht berücksichtigt, da sie auch methodisch bedingt sein können.

#### 3.4. Nachweis unspezifischer Esterasen

Zur Darstellung der inter- und intraspezifischen Unterschiede werden häufig auch Enzymmuster miteinander verglichen (THURMANN et al. 1967, MISSET 1977, WOLFF 1980). Besonders oft werden Esterasen, Dehydrogenasen und Peroxidasen untersucht, da sie sich relativ einfach nachweisen lassen. So wurden zusätzlich zu den im vorherigen beschriebenen Untersuchungen auch die Esterasen in die Darstellung der genetischen Variabilität der *Lathyrus*- und *Trifolium*-Arten mit einbezogen. Ebenso wurden die Samen einiger Arten auf eventuelle Standorteinflüsse hin untersucht. In Abb. 5 sind die Rf-Werte eines typischen Elektropherogramms dargestellt. Das Muster der Esterasen ist so heterogen, daß sich auch hier, wie bei der basischen Gelelektrophorese, kaum Artengruppen mit ähnlichem Enzymmuster erkennen lassen. Einzig die Bandenmuster von *L. sylvestris* und *L. tuberosus* ähneln sich. Somit können die einzelnen Arten auch anhand ihres Esterasemusters unterschieden werden.

In der Anzahl der nachgewiesenen Esterasebanden zeigt sich eine große Variabilität. Das Spektrum reicht von einer Bande bei *L. sylvestris* (St. Augustin) bis hin zu 12 Banden bei *T. repens* (St. Augustin). Die meist schwach gefärbten Esterasebanden besitzen Rf-

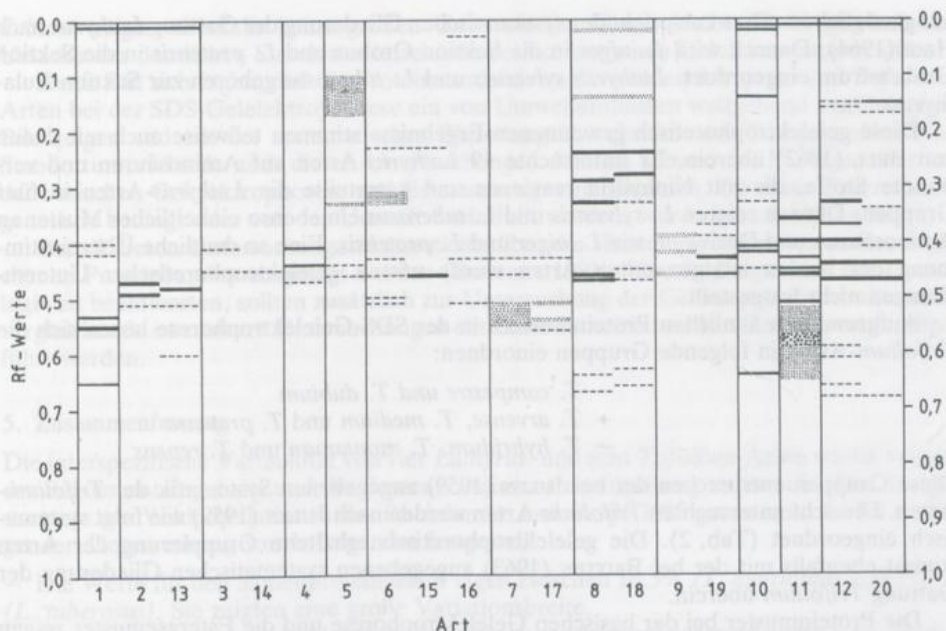


Abbildung 5. Rf-Werte der Esterasebanden.  
Kennziffern zu den Arten siehe Tab. 1.

Werte zwischen 0,01 und 0,68. Im Bereich zwischen 0,02 und 0,39 lassen sich bei allen untersuchten *Lathyrus*-Arten keine Esterasebanden nachweisen. Dagegen zeigen alle *Trifolium*-Arten mit Ausnahme von *T. dubium* in dem genannten Bereich mehrere Banden auf.

Auch das Esterasemuster zeigt Unterschiede bei den an verschiedenen Standorten gesammelten Samen der gleichen Art.

#### 4. Diskussion

Quantitative Merkmale sind neben qualitativen für die Erfassung der genetischen Variabilität von Bedeutung. Über das für Kulturpflanzen wichtige Merkmal des Samenproteingehalts liegen für Wildpflanzen kaum Werte vor.

Vergleicht man die hier vorliegenden Proteinwerte der *Lathyrus*- und *Trifolium*-Arten (Abb. 1) mit den bei MÜLLER (1983) zusammengestellten Werten für den Samenproteingehalt von neun Leguminosengattungen (15–50% Protein), so liegen die hier untersuchten Arten überwiegend im mittleren Bereich des für Leguminosen angegebenen Proteinniveaus. Im Samenproteingehalt der *Lathyrus*- und *Trifolium*-Arten zeigt sich eine große Variabilität. Der Samenproteingehalt ist jedoch ein polygen bedingtes Merkmal, das sowohl genetisch bedingt als auch von Umweltbedingungen beeinflusst wird (MÜLLER 1980). Aufgrund der verschiedenen Standorte kann man bei der vorliegenden Untersuchung nicht entscheiden, wie weit die unterschiedlichen Proteinwerte genetisch bedingt sind.

In allen angewandten Elektrophoresesystemen lassen sich die untersuchten Arten anhand des qualitativen Merkmals der Samenproteinzusammensetzung eindeutig charakterisieren. Damit wird eine Feststellung von LADIZINSKY & HYMOWITZ (1979), daß das Samenproteinmuster artspezifisch ist, auch für die Gattungen *Lathyrus* und *Trifolium* bestätigt. Die Ergebnisse zeigten aber je nach Elektrophoresesystem Unterschiede.

Die durch SDS-Gelelektrophorese aufgetrennten Proteinmonomere zeigen Gruppen übereinstimmender Proteinmuster. Diese stimmen mit der systematischen Einteilung überein.

Innerhalb der Gattung *Lathyrus* zeigen *L. sylvestris* und *L. tuberosus* deutlich ähnliche Muster, während über die Proteinmuster von *L. niger* und *L. pratensis* keine sichere Zuord-

nung möglich ist. Dies entspricht der systematischen Gliederung der Gattung *Lathyrus* nach HEGI (1964). Danach wird *L. niger* in die Sektion *Orobus* und *L. pratensis* in die Sektion *Orobrastrum* eingeordnet. *Lathyrus sylvestris* und *L. tuberosus* gehören zur Sektion *Eulathyrus*.

Diese gelelektrophoretisch gewonnenen Ergebnisse stimmen teilweise auch mit denen von BELL (1962) überein. Er untersuchte 49 *Lathyrus*-Arten auf Aminosäuren und verwandte Stoffe, die mit Ninhydrin reagieren und unterteilte die *Lathyrus*-Arten in fünf Gruppen. Danach zeigten *L. sylvestris* und *L. tuberosus* ein ebenso einheitliches Muster an Aminosäuren und Derivaten wie *L. niger* und *L. pratensis*. Eine so deutliche Übereinstimmung der beiden letztgenannten Arten wurde mittels gelelektrophoretischer Untersuchungen nicht festgestellt.

Aufgrund von ähnlichen Proteinmustern in der SDS-Gelelektrophorese lassen sich die *Trifolium*-Arten in folgende Gruppen einordnen:

- *T. campestre* und *T. dubium*
- *T. arvense*, *T. medium* und *T. pratense*
- *T. hybridum*, *T. montanum* und *T. repens*

Diese Gruppen entsprechen der bei JULEN (1959) angegebenen Systematik der *Trifolium*-Arten. Die acht untersuchten *Trifolium*-Arten werden nach JULEN (1959) wie folgt systematisch eingeordnet (Tab. 2). Die gelelektrophoretisch erhaltene Gruppierung der Arten stimmt ebenfalls mit der bei BRITTEN (1963) angegebenen systematischen Gliederung der Gattung *Trifolium* überein.

Die Proteinmuster bei der basischen Gelelektrophorese und die Esterasemuster zeigen eine so große interspezifische Variabilität, daß sich keine Gruppen mit übereinstimmenden Mustern erkennen lassen. Dies kann daran liegen, daß die Rf-Werte nur auf einem Gel bestimmt wurden. Aber die starke Heterogenität dieser Protein- und Esterasemuster zwischen den Species bestätigt WOLFF (1980). Sie stellte fest, daß die Albuminmuster zwischen verschiedenen Species keine Ähnlichkeiten aufweisen. Dies scheint auch für den Gesamtextrakt von *Lathyrus* und *Trifolium* zu gelten.

Der Vergleich der Proteinmuster einer Art von verschiedenen Standorten erbrachte bei der SDS-Gelelektrophorese fast keine Unterschiede. Nur *T. campestre* (St. Augustin) und *T. dubium* (St. Augustin) zeigen hier je eine zusätzliche Bande. Bei *T. hybridum* lassen sich nur einige Intensitätsunterschiede erkennen, die auch methodisch bedingt sein können (LADIZINSKY & HYMOWITZ 1979). Einige deutliche Standortunterschiede zeigen sich bei den Proteinmustern der basischen Gelelektrophorese. Erstaunlich ist hierbei die Differenz in den Bandenmustern der nur 300 m weit auseinanderliegenden Populationen von *T. hybridum*. Dagegen zeigen einige Arten, deren Standorte weit auseinanderliegen (z. B. *T. repens*, *L. pratensis*) keine standortbedingten Unterschiede. Inwieweit die hier nachgewiesenen Differenzen im Bandenmuster genetisch bedingt sind oder durch Umwelteinflüsse verursacht werden, müßte durch Anzucht dieser Pflanzen unter gleichen Umweltbedingungen überprüft werden.

Auch beim Esterasemuster lassen sich Standortunterschiede erkennen. Die Esterasemuster der beiden Populationen von *T. hybridum* sind dagegen völlig identisch, die von *T.*

Subgenus	Sektion	Art
Trifoliastrum SER.	Chronosemium SER.	<i>T. dubium</i> SIBTH. <i>T. campestre</i> SCHREB.
	Amoria PRESL.	<i>T. hybridum</i> L. <i>T. repens</i> L. <i>T. montanum</i> L.
Lagopos BERNH.	Eulagopos LOJAC.	<i>T. arvense</i> L. <i>T. pratense</i> L. <i>T. medium</i> L.

Tabelle 2. Systematische Einteilung der untersuchten *Trifolium*-Arten (nach JULEN 1959).



*dubium* zeigen ebenfalls keine großen Unterschiede. Damit bleibt die Frage nach der Ursache der deutlichen Standortunterschiede bei der basischen Gelelektrophorese offen.

Somit läßt sich sagen, daß die Proteinmuster der untersuchten *Lathyrus*- und *Trifolium*-Arten bei der SDS-Gelelektrophorese ein von Umwelteinflüssen weitgehend unabhängiges Bild zeigen und mit der systematischen Einteilung übereinstimmen. Demgegenüber sind Standortunterschiede nach diesen Untersuchungen deutlich anhand der Proteinmuster aus der basischen Gelelektrophorese und Esterasemuster zu erkennen. Ob diese Unterschiede genetisch bedingt oder von der Umwelt beeinflußt werden, wurde jedoch nicht geklärt.

Bei all diesen Untersuchungen kann nichts über die Homologie der miteinander verglichenen Proteinbanden ausgesagt werden (BOULTER 1981). Um die Frage nach der Homologie zu beantworten, sollten zusätzlich zur Untersuchung der Gesamtproteinextrakte noch vergleichende intensivere Untersuchungen einzelner Proteine und Proteingruppen durchgeführt werden.

### 5. Zusammenfassung

Die interspezifische Variabilität von vier *Lathyrus*- und acht *Trifolium*-Arten wurde anhand des Samenproteingehalts und der Samenproteinzusammensetzung untersucht. Das Saatgut stammte aus Wildpopulationen des Rheinlandes und wurde 1983 gesammelt. In der vorliegenden Untersuchung wurde folgendes festgestellt:

- Die Werte für den Samenproteingehalt lagen zwischen 16,5% (*T. hybridum*) und 29,7% (*L. tuberosus*). Sie zeigten eine große Variationsbreite.
- Die untersuchten Arten ließen sich eindeutig anhand der gelelektrophoretisch erhaltenen Proteinmuster charakterisieren.
- Die durch SDS-Gelelektrophorese erhaltenen Proteinmuster zeigten eine deutliche Übereinstimmung mit der systematischen Einordnung der untersuchten Arten.
- Deutliche Standortunterschiede im Samenproteinmuster ließen sich allein durch basische Gelelektrophorese und Esterasenachweis erkennen.
- Über die Homologie der miteinander verglichenen Proteinbanden ließ sich nichts aussagen.

### Danksagung

Ich danke Prof. Dr. H. P. MÜLLER für die Diskussion und die Durchsicht des Manuskriptes.

### Literatur

- ALTLAND, K., HACKLER, R. & KNOCH, W. (1980): Double one-dimensional electrophoresis of human serum transferrin: a new high-resolution screening method for genetically determined variation. – *Hum. Genet.* **54**, 221–231.
- BELL, E. A. (1962): Associations of ninhydrin-reacting compounds in the seeds of 49 species of *Lathyrus*. – *Biochem. J.* **83**, 225–229.
- BLAICH, R. (1978): Analytische Elektrophoreseverfahren. 117 S. – Stuttgart (G. Thieme).
- BOULTER, D. (1981): Proteins of legumes, in: POLHILL, R. M. & RAVEN, P. H., *Advances in legume systematics*, Part 2. – Kew, Royal Botanic Gardens.
- THURMAN, D. A. & DERBYSHIRE, E. (1967): A disc electrophoretic study of legume seeds with reference to their systematics. – *New Phytol.* **66**, 27–36.
- THURMAN, D. A. & TURNER, B. L. (1966): The use of disc electrophoresis of plant proteins in systematics. – *Taxon* **15**, 135–142.
- BRITTEN, E. J. (1963): Chromosome numbers in the genus *Trifolium*. – *Cytologia* **28**, 428–449.
- DANIELSSON, C. E. (1949): Seed globulins of the Gramineae and Leguminosae. – *Biochem. J.* **44**, 387–399.
- HEGI, G. (1964): *Illustrierte Flora von Mitteleuropa IV/3*. 2. Aufl. – Berlin, Hamburg (P. Parey), Neudruck 1975.
- HERLT, M. (1979): Kernisolation und gelelektrophoretische Charakterisierung der Kerne aus Wurzel- und Sproßgewebe von Erbsenkeimlingen (*Pisum sativum*). – Diplomarbeit (Institut für Genetik) Universität Bonn, unveröffentlicht.
- JULEN, G. (1959): *Trifolium*-Arten, in: KAPPERT, H. & RUDOLF, W., *Handbuch der Pflanzenzüchtung IV*. – Berlin, Hamburg (P. Parey).

- KLEIN, V. (1985): Vergleichende qualitative und quantitative Untersuchungen der Samenproteine von Wildpopulationen der Leguminosengattungen *Lathyrus* und *Trifolium*. – Diplomarbeit (Institut für Genetik) Universität Bonn, unveröffentlicht.
- LADIZINSKY, G. (1979): Species relationships in the genus *Lens* as indicated by seed-protein electrophoresis. – Bot. Gaz. **140**, 449–451.
- & HYMOWITZ, T. (1979): Seed protein electrophoresis in taxonomic and evolutionary studies. – Theor. Appl. Genet. **54**, 145–151.
- MISSET, M.-T. (1977): Contribution à la chimie taxonomique de 57 espèces de Légumineuses. – Sausurea **8**, 1–18.
- MÜLLER, H. P. (1980): Biochemische Darstellung und gelelektrophoretische Charakterisierung der Samenproteine von Leguminosen. – Göttinger Pflanzenzüchter-Seminar **4**, 105–116.
- (1983): The genetic control of seed protein production in legumes, in: GOTTSCHALK, W. & MÜLLER, H. P., Seed proteins. 531 S. – Den Haag (Nijhoff/Junk).
- MURRAY, N. G. & KEY, J. L. (1978): 2,4-dichlorophenoxyacetic acid-enhanced phosphorylation of soybean nuclear proteins. – Plant Physiol. **61**, 190–198.
- POLLACK, R. L. & SCHACTERLE, G. R. (1973): A simplified method for the quantitative assay of small amounts of protein in biologic material. – Anal. Biochem. **51**, 654–655.
- PRZYBYLSKA, J. & HURICH, J. (1971): Disc electrophoretic study of seed proteins of various *Medicago* species, *Melilotus albus*, *Trifolium pratense*, and *T. repens*. – Acta Soc. Bot. Pol. **40**, 681–695.
- SAHAI, S. & RANA, R. S. (1977): Seed protein homology and elucidation of species relationships in *Phaseolus* and *Vigna* species. – New Phytol. **79**, 527–534.
- STEGEMANN, H. & PIETSCH, G. (1983): Methods for quantitative and qualitative characterization of seed proteins of cereals and legumes, in: GOTTSCHALK, W. & MÜLLER, H. P., Seed proteins. 531 S. – Den Haag (Nijhoff/Junk).
- THURMAN, D. A., BOULTER, D., DERBYSHIRE, E. & TURNER, D. L. (1967): Electrophoretic mobilities of formic and glutamic dehydrogenases in the Fabaceae: a systematic survey. – New Phytol. **66**, 37–45.
- WOLFF, G. (1980): Investigations on the relations within the family Papilionaceae on the basis of electrophoretic banding patterns. – Theor. Appl. Genet. **57**, 225–232.

Anschrift der Verfasserin: Vera Klein, Institut für Genetik, Universität Bonn, Kirschallee 1, D-5300 Bonn 1.

# ZOBODAT - [www.zobodat.at](http://www.zobodat.at)

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Decheniana](#)

Jahr/Year: 1986

Band/Volume: [139](#)

Autor(en)/Author(s): Klein Vera

Artikel/Article: [Beitrag zur Chemotaxonomie einheimischer Wildleguminosen 214-222](#)