

Phyton (Austria)	Vol. 13	Fasc. 3—4	153—160	11. X. 1969
------------------	---------	-----------	---------	-------------

Ein Gen für schalenförmige Blättchen von *Pisum* und seine Koppelung

Von

Herbert LAMPRECHT ¹⁾

Eingelangt am 9. September 1968

In einem größeren Kreuzungsmaterial von *Pisum* findet man nicht selten einzelne Pflanzen, deren Blättchenränder mehr oder weniger kraus nach oben oder nach unten gekämmt sind. Solche Blättchen zeigen keine regelmäßig schalenförmige Gestalt. Auch zeigen meist nicht alle Blättchen solcher Pflanzen diese Veränderung; die zuerst ausgebildeten haben noch ein normales Aussehen. Ein weiteres Charakteristikum solcher Blättchen ist gewöhnlich ein ungleichmäßig ausgebildetes Blattgrün. Es sind kleinere, hellere, diffus begrenzte Fleckchen vorhanden, wie sie bei Virusbefall auftreten.

Unter den Nachkommen solcher Pflanzen ist von diesem Blättchentyp in der Regel nichts zu finden. Es handelt sich also um kein erblich bedingtes Merkmal. Indirekt könnte dies aber gut möglich sein, wenn nämlich ein Gen für die Resistenz gegen den Befall seitens eines bestimmten Virus mutiert hätte, sodaß die betreffende Pflanze befallen werden kann.

Der hier zu besprechende Blattpf ist dagegen als eine genbedingte Mutante aufzufassen. Die Schalenform betrifft alle Blättchen und diese zeigen durchweg das normale Blattgrün ohne irgendwelche Verfärbungen. Meine diesem Merkmal entsprechende Linie, Nr. 1403, stammt aus in Afghanistan endemischem Material ²⁾.

Die Linie 1403 kann im übrigen folgendermaßen gekennzeichnet werden. Wuchs halbhoch, aber, wie die Kreuzungsergebnisse gezeigt haben, trotzdem dominant im Gen *Le* für typisch hohen Wuchs. Die Verkürzung des Stammes wird bei Linie 1403 in ähnlicher Weise wie z. B. bei oect. *humile* durch die starke Verzweigung des Stammes verursacht (Wirkung

¹⁾ Der Verfasser, Prof. Dr. Dr. Dr. h. c. Herbert LAMPRECHT, (früher Landskrona, seit 1968 Graz) ist am 18. August 1969 unerwartet gestorben.

²⁾ Für die Beschaffung dieses Materials sage ich hier Howard L. HYLAND, Chief of Plant Introduction, USA Department of Agriculture, meinen aufrichtigen Dank.

des Gens *fru*). Die Stammverzweigungen gehen mehr oder weniger schräg nach oben-außen (Wirkung des Gens *pro*). Die Blättchen sind ungezähnt, ganzrandig, Gen *td*.

Die Blüten zeigen die durch das Gen *cr* zusammen mit *A Am Ar B Ce* bedingte Farbe *fuscopurpureus*, ein Bräunlichpurpur. In der Kreuzung mit L. 1403 trat sowohl in dieser Farbe wie auch in *purpureus*, das normale Purpurviolett, eine gewisse Variation zutage (s. u.), sodaß möglicherweise ein weiteres, diese Farben beeinflussendes Gen gespalten hat. Die Spaltung in *Cr* : *cr* war indessen ungestört monogen.

Die Hülsen sind deutlich kürzer als die des zweiten zum Kreuzen mit L. 1403 benutzten Elters, L. 751. Im übrigen sind sie gerade, stumpf und haben mittelstarke Wandung; Formel *N Con Bt*. Die Samen sind rundlich, *R*, marmoriert, *M*, und haben schwarzes Hilum, *Pl*.

Zum Studium der Vererbung des *patelliformis*-Merkmals der Blättchen wurde die Linie 1403 mit Linie 751 gekreuzt: Kr. Nr. 1542. Die Linie 751 stammt aus meiner Kreuzung Nr. 72: Linie 110 aus Roi des gourmands, der Standardlinie für normale Struktur der Chromosomen, $\times$ L. 125 aus Pois Sabre, charakterisiert durch die konvex gekrümmten Hülsen, Gen *con*. Ein Vergleich der genotypischen Konstitution der beiden Elternlinien von Kr. 1542 gibt folgendes Bild:

Linie 751: *Le a Fru Pro Td Cr n con m pl Pat*

Linie 1403: *Le A fru pro td cr N Con M Pl pat*

Darüber hinaus sei erwähnt, daß L. 751 im interspezifischen Gen *i-Lac* spaltet, soweit Heterozygotie in diesem besteht. In der Kreuzung 1542 spalteten vier von 21 Familien nach 111 *i-Lac* : 22 *i-lac* mit $D/m = 2.25$. Für das Studium der Vererbung der übrigen Merkmale hat sich dies als ohne Bedeutung erwiesen.

Die neun in Kr. 1542 spaltenden Gene (außer *Con*) manifestieren sich in folgender Weise:

- A—a*: Grundgen für die Ausbildung von Anthocyan — mit *a* in allen Teilen der Pflanze ohne solches.
- Cr—cr*: Zusammen mit *A Am Ar B Ce* Blütenfarbe *purpureus* — *fuscopurpureus*.
- Fru—fru*: Stamm wenig verzweigt, mit etwa 2 bis 5 Zweigen — stark verzweigt, über 5 und meist mit mehr Zweigen; in vorliegender Kreuzung durchschnittlich 6—7.
- M—m*: Zusammen mit *A* stark marmorierte Samenschale — mit *a* ohne oder nur sehr schwacher Marmorierung.
- N—n*: Hülsenwandung von normaler Dicke — fast doppelt so dick, und Hülse mit *Con* mehr weniger stark gekrümmt.
- Pat—pat*: Blättchen glatt, eben-schalenförmig, *patelliformis*, ein hier neu untersuchtes Merkmal.
- Pl—pl*: Hilum schwarz-weißlich bis bräunlich; sowohl mit *A* wie mit *a*.

Pro—pro: Stammverzweigungen gleich fast gerade aufwärts gerichtet — in einem Winkel von etwa 45° nach außen—oben wachsend. Durch Lichteinwirkung mehr oder weniger schnell sich nach oben richtend.

Td—td: Blättchen normal stark gezähnt (s. LAMPRECHT 1962) — ganz ungezähnt.

Wie ersichtlich, wurde in obiger Übersicht das Gen *Con* weggelassen. Dies geschah, da die Spaltung in *Con : con* in vorliegender Kreuzung infolge gleichzeitiger Spaltung in *N* und in Hülsenlänge nicht sicher durchgeführt werden konnte (Näheres bei LAMPRECHT 1955).

Die F_1 hatte normal ebene Blättchen, wodurch das Merkmal *patelliformis* als rezessiv nachgewiesen ist. Im übrigen zeigte die F_1 die erwarteten dominanten Merkmale. Die Fertilität der F_1 erreichte 51.8%. Da die Elternlinie 751 normale Struktur der Chromosomen hat, erscheint damit bewiesen, daß die Afghan-Linie 1403 abweichende Chromosomenstruktur haben muß (s. a. u.).

Die hier in Frage stehenden neun Gene zeigten in F_2 folgende monogene Spaltungsverhältnisse; die römischen Zahlen geben die bisher bekannte Chromosomenzugehörigkeit an.

265	<i>A</i> :	109	<i>a</i> ;	$D/m = 1.85$	I
199	<i>Cr</i> :	66	<i>cr</i> ;	$D/m = 0.04$	V
284	<i>Fru</i> :	90	<i>fru</i> ;	$D/m = 0.42$	—
276	<i>M</i> :	98	<i>m</i> ;	$D/m = 0.54$	III
266	<i>N</i> :	108	<i>n</i> ;	$D/m = 1.73$	IV
285	<i>Pat</i> :	89	<i>pat</i> ;	$D/m = 0.54$	—
278	<i>Pl</i> :	96	<i>pl</i> ;	$D/m = 0.30$	VI
282	<i>Pro</i> :	92	<i>pro</i> ;	$D/m = 0.18$	IV
275	<i>Td</i> :	99	<i>td</i> ;	$D/m = 0.66$	IV

Wie die Zusammenstellung zeigt, haben alle diese neun Gene im monogenen Verhältnis 3 : 1 gespalten. Wo einzelne oder wenige Individuen, die Gene *Pat*, *Pro* und *N* betreffend, etwas intermediär ausgebildete Merkmale gezeigt haben, standen sie den Dominanten näher und wurden daher auch diesen zugerechnet. Die Spaltung in Stammverzweigung, das Gen *Fru* betreffend, entspricht der Anzahl Individuen mit bis zu 5 Stammverzweigungen: Individuen mit mehr als 5 solchen. Die Spaltung im Gen *Pat* bestätigt die schon in F_1 gemachte Beobachtung, daß das Merkmal *patelliformis* durch ein rezessives Gen bedingt wird. Die F_1 hatte eine Fertilität von 51.8% und war demnach typisch semisteril. Zur F_2 wurden 500 Samen gesät, aus denen sich 462 Pflanzen entwickelten, davon 374 samenreif.

Es folgen die digenen Spaltungsverhältnisse mit CrO-Werten. Hierbei werden berücksichtigt: sämtliche Kombinationen mit den Genen *Fru*

und *Pat*, deren Chromosomenzugehörigkeit bisher noch nicht klargelegt ist, sowie die Kombinationen der drei im Chromosom IV gelegenen Gene *N*, *Td* und *Pro*. Es wird mit den Kombinationen mit *Pat* begonnen.

200 <i>Pat A</i>	: 85 <i>Pat a</i>	: 65 <i>pat A</i>	: 24 <i>pat a</i> ;	CrOR = 48,0 ± 3,97%
D/m = -1,08	+1,97	-0,67	+0,13	
153 <i>Pat Cr</i>	: 47 <i>Pat cr</i>	: 46 <i>pat Cr</i>	: 19 <i>pat cr</i> ;	CrOK = 45,8 ± 4,37%
D/m = +0,49	-0,42	-0,58	+0,62	
222 <i>Pat Fru</i>	: 63 <i>Pat fru</i>	: 62 <i>pat Fru</i>	: 27 <i>pat fru</i> ;	CrOK = 44,0 ± 3,61%
D/m = +1,21	-0,94	-1,07	+0,77	
215 <i>Pat M</i>	: 70 <i>Pat m</i>	: 61 <i>pat M</i>	: 28 <i>pat m</i> ;	CrOR = 54,7 ± 3,67%
D/m = +0,48	-0,02	-1,21	+0,99	
205 <i>Pat N</i>	: 80 <i>Pat n</i>	: 61 <i>pat N</i>	: 28 <i>pat n</i> ;	CrOR = 52,2 ± 3,78%
D/m = -0,56	+1,31	-1,21	+0,94	
213 <i>Pat Pl</i>	: 72 <i>Pat pl</i>	: 65 <i>pat Pl</i>	: 24 <i>pat pl</i> ;	CrOR = 50,4 ± 3,86%
D/m = +0,27	+0,25	-0,67	+0,13	
213 <i>Pat Pro</i>	: 72 <i>Pat pro</i>	: 69 <i>pat Pro</i>	: 20 <i>pat pro</i> ;	CrOK = 51,6 ± 3,94%
D/m = +0,27	+0,25	-0,15	-0,72	
234 <i>Pat Td</i>	: 51 <i>Pat td</i>	: 41 <i>pat Td</i>	: 48 <i>pat td</i> ;	CrOK = 28,5 ± 2,85%
D/m = +2,46	-2,54	-3,86	+5,27	
199 <i>Fru A</i>	: 85 <i>Fru a</i>	: 66 <i>fru A</i>	: 24 <i>fru a</i> ;	CrOR = 47,8 ± 3,97%
D/m = -1,18	+1,97	-0,55	+0,13	
146 <i>Fru Cr</i>	: 53 <i>Fru cr</i>	: 53 <i>fru Cr</i>	: 13 <i>fru cr</i> ;	CrOK = 55,7 ± 4,66%
D/m = -0,38	+0,52	+0,52	-0,93	
209 <i>Fru M</i>	: 75 <i>Fru m</i>	: 67 <i>fru M</i>	: 23 <i>fru m</i> ;	CrOR = 49,3 ± 3,90%
D/m = -0,14	+0,78	-0,41	-0,08	
205 <i>Fru N</i>	: 79 <i>Fru n</i>	: 59 <i>fru N</i>	: 31 <i>fru n</i> ;	CrOR = 54,1 ± 3,70%
D/m = -0,56	+1,17	-1,48	+1,63	
213 <i>Fru Pl</i>	: 71 <i>Fru pl</i>	: 65 <i>fru Pl</i>	: 25 <i>fru pl</i> ;	CrOR = 52,0 ± 3,78%
D/m = +0,27	+0,12	-0,67	+0,35	
212 <i>Fru Pro</i>	: 72 <i>Fru pro</i>	: 70 <i>fru Pro</i>	: 20 <i>fru pro</i> ;	CrOK = 52,4 ± 3,97%
D/m = +0,17	+0,25	-0,02	-0,72	
217 <i>Fru Td</i>	: 67 <i>Fru td</i>	: 58 <i>fru Td</i>	: 32 <i>fru td</i> ;	CrOK = 41,9 ± 3,50%
D/m = +0,69	-0,41	-1,61	+1,84	
206 <i>N Pro</i>	: 60 <i>N pro</i>	: 76 <i>n Pro</i>	: 32 <i>n pro</i> ;	CrOK = 51,9 ± 3,83%
D/m = -0,46	-1,34	+0,78	+1,84	
195 <i>N Td</i>	: 71 <i>N td</i>	: 80 <i>n Td</i>	: 28 <i>n td</i> ;	CrOR = 49,4 ± 3,90%
D/m = -1,60	+0,12	+1,31	+0,99	
209 <i>Pro Td</i>	: 73 <i>Pro td</i>	: 66 <i>pro Td</i>	: 26 <i>pro td</i> ;	CrOK = 48,6 ± 3,81%
D/m = -0,14	+0,38	-0,55	+0,56	

Ein Durchgang der CrO-Werte zeigt, daß das Gen *Pat* mit dem Gen *Td* im Chromosom IV ziemlich stark gekoppelt ist, CrO = 28,5 ± 2,85%. Für die drei gleichfalls im Chromosom IV gelegenen Gene *N*, *Pro* und *Td* wurde keine Andeutung zu Koppelung gefunden, was auch bisher gewöhnlich der Fall gewesen ist. Die Ursache hierfür ist, daß die Distanzen zwischen diesen je ungefähr ein Drittel der relativen Chromosomenlänge betragen (s.

LAMPRECHT 1968), wobei häufig keine Koppelung anzeigenden CrO-Werte gefunden werden.

Für die Gene *Td* und *Fru* liegt indessen ein CrO-Wert von $41.9 \pm 3.50\%$ vor, der schon stark für eine Zugehörigkeit von *Fru* zum Chromosom IV spricht. Ist dies richtig, so sollte auch für die Gene *Pat* und *Fru* Koppelung bestehen. Der hierfür erhaltene Wert von $44.0 \pm 3.61\%$ ist indessen noch als ganz unsicher zu betrachten.

Hier sollen die Ergebnisse einer anderen Kreuzung, Nr. 1544, insoweit mitgeteilt werden, als sie eine sichere Koppelung zwischen den im Chromosom IV gelegenen Genen *Le*, *Fru* und *Pro* nachweisen. Kr. 1544 wurde ausgeführt zwischen meiner Testlinie 851, *le, fru pro* und der im interspezifischen Gen *i-obo* heterozygoten Linie 891, *Le Fru Pro*. Diese Kreuzung war fertil und spaltete insgesamt in 17 Genen. Zur F_2 wurden 500 Samen gesät, aus denen sich 481 Pflanzen, davon 421 auf Samen beurteilbare entwickelten. Die drei hier in Frage kommenden Gene spalteten in F_2 in folgenden Verhältnissen.

327	<i>Le</i> :	94	<i>le</i> ;	D/m = 1.27
310	<i>Fru</i> :	105	<i>fru</i> ;	D/m = 0.03
291	<i>Pro</i> :	130	<i>pro</i> ;	D/m = 2.79

Wie ersichtlich, spalteten *Le* und *Fru* gut monogen, während das Gen *Pro* eine etwas zu große Anzahl von Rezessiven aufweist. Solche Abweichungen sind bei allen Genen zu erwarten, die hinsichtlich ihrer Manifestation quantitativ klassifiziert werden müssen. *fru* bedingt eine höhere Frequenz von Stammverzweigung, gewöhnlich von 5 bis etwa 8 variierend. Bei der Beurteilung wird diese Zahl für jedes Individuum ermittelt, aber für das Spaltungsverhältnis muß eine Grenze gezogen werden, die natürlich nicht scharf sein kann, da sich auch Umweltverhältnisse geltend machen, sodaß im einen Fall schon Pflanzen mit der Note 4 *fru* sein können und im umgekehrten Fall kann auch die Note 5 oder sogar 6 vereinzelt noch *Fru* sein. Für die Koppelungsstudien wirkt dies sehr wenig störend, nur daß die CrO-Werte eine Koppelung anzeigen, die in Wirklichkeit etwas stärker ist. Hier sei erwähnt, daß es für die Frequenz der Stammverzweigung zwei polymere Gene, *fru* und *fr* gibt, die bei doppelter Rezessivität eine sehr reiche Verzweigung von wenigstens 8 bis zu über 20 verursachen (s. LAMPRECHT 1950 und 1958). Mit *fru* soll das hier im Chromosom IV nachgewiesene Gen symbolisiert werden.

Die stärkere Abweichung vom monogenen 3:1 Verhältnis des Gens *Pro* ist auf wechselnde Belichtungsverhältnisse zurückzuführen. Die schräg nach oben—außen gerichteten Stammverzweigungen der *pro*-Individuen richten sich durch Lichteinfluß in einem geeigneten Stadium der Ontogenese mehr oder weniger nach oben, was meistens zu einem Minus, seltener wie hier zu einem Plus an *pro*-Pflanzen führen kann. Hier dürfte die gleichzeitige Spaltung in *fru* die Hauptursache für das Plus gewesen sein.

Folgende digene Spaltungen wurden in der F_2 von Kreuzung 1544 erhalten:

243 <i>Le Pro</i>	: 84 <i>Le pro</i>	: 47 <i>le Pro</i>	: 47 <i>le pro</i> ; CrO _K = 35,7 ± 3,08%
D/m = +0,61	+0,63	-3,95	+4,03
266 <i>Le Fru</i>	: 61 <i>Le fru</i>	: 50 <i>le Fru</i>	: 44 <i>le fru</i> ; CrO _K = 32,3 ± 2,88%
D/m = +2,86	-2,24	-3,61	+3,80
253 <i>Pro Fru</i>	: 38 <i>Pro fru</i>	: 63 <i>pro Fru</i>	: 67 <i>pro fru</i> ; CrO _K = 25,6 ± 2,54%
D/m = +1,60	-6,17	-1,98	+9,44

Eine Vereinigung der in den beiden Kreuzungen erhaltenen CrO-Werte ergibt:

— <i>pat</i> —	28,5	— <i>td</i> —	41,9	— <i>fru</i> —	32,3	— <i>pro</i> —	25,6	— <i>le</i> —
←————— 44,0 —————→				←————— 35,7 —————→				

Damit kann die Einreihung der beiden Gene *pat* und *fru* im Chromosom IV als sichergestellt betrachtet werden. Ungeklärt ist selbstverständlich noch die Reihenfolge gegenüber den übrigen Genen dieses Chromosoms. Erwähnt sei auch, daß eine Addition der CrO-Werte zweier verschiedener Kreuzungen zu gewissen Diskrepanzen führen kann. Die Variation der CrO-Werte ist bekanntlich eine beträchtliche und in hohem Grade abhängig teils von der genotypischen Konstitution der Eltern, teils von den Umweltverhältnissen, insbesondere von der Temperatur. So wurde für das im Chromosom IV gelegene Genpaar *le* und *v* eine Variation von nicht weniger als 2.6 bis zu 38.5% gefunden (s. LAMPRECHT 1948). In diesem Lichte ist auch der CrO-Wert für *fru-pro* in Kreuzung 1544 mit 32.3% und der für dasselbe Genpaar in Kr. 1542 mit 52.4% zu sehen.

Die Beziehungen zwischen Genspaltung und der im Grade der Fertilität in Kreuzung Nr. 1542

Wie schon oben erwähnt worden ist, war die F_1 von Kreuzung 1542 mit 51.8% fertil als typisch semisteril zu betrachten. Dies ist auch in der F_2 richtig zum Ausdruck gekommen, indem 374 Individuen nach 185 fertil (84 bis 100%): 189 semisteril gespalten haben; für ein Verhältnis von 1 : 1 beträgt D/m 0.02. Es folgen nun für sämtliche in Kreuzung 1542 monogen spaltenden Gene ihre Spaltungsverhältnisse in der fertilen wie in der semisterilen Individuengruppe; f = fertil, sst = semisteril.

124 <i>A f</i>	: 61 <i>a f</i>	: 141 <i>A sst</i>	: 48 <i>a sst</i> ; CrO = 31,8 ± 6,11%
103 <i>Cr f</i>	: 23 <i>cr f</i>	: 196 <i>Cr sst</i>	: 43 <i>cr sst</i> ; CrO = 24,8 ± 5,00%
133 <i>Fru f</i>	: 52 <i>fru f</i>	: 151 <i>Fru sst</i>	: 38 <i>fru sst</i> ; CrO = 29,8 ± 5,48%
146 <i>M f</i>	: 39 <i>m f</i>	: 130 <i>M sst</i>	: 59 <i>m sst</i> ; CrO = 27,8 ± 4,91%
132 <i>N f</i>	: 53 <i>n f</i>	: 134 <i>N sst</i>	: 55 <i>n sst</i> ; CrO = 45,4 ± 22,6%
165 <i>Pat f</i>	: 20 <i>pat f</i>	: 120 <i>Pat sst</i>	: 69 <i>pat sst</i> ; CrO = 13,3 ± 2,65%
142 <i>Pl f</i>	: 43 <i>pl f</i>	: 136 <i>Pl sst</i>	: 53 <i>pl sst</i> ; CrO = 34,5 ± 7,19%
136 <i>Pro f</i>	: 49 <i>pro f</i>	: 146 <i>Pro sst</i>	: 49 <i>pro sst</i> ; CrO = 36,2 ± 8,06%
143 <i>Td f</i>	: 42 <i>td f</i>	: 132 <i>Td sst</i>	: 57 <i>td sst</i> ; CrO = 34,3 ± 7,11%

Ein Blick auf die vorstehenden CrO-Werte zeigt, daß kaum mehr als für die Spaltung eines Gens ein sicherer Zusammenhang mit der nach fertil : semisteril vorhanden ist. Und dies betrifft die Spaltung im Gen *Pat*, für die ein CrO von $13.3 \pm 2.65\%$ hat festgestellt werden können. Da *Pat* im Chromosom IV liegt, wird dieses mit Hinblick hierauf an einer Translokation beteiligt sein. Als sicher kann auch betrachtet werden, daß der Bruchpunkt für diese unweit vom Gen *Pat* liegen wird. Genaueres hierüber, sowie mit welchem anderen Chromosom ein eventueller Austausch stattgefunden hat, kann aber auf Grund des vorliegenden Materials nicht ausgesagt werden.

Von den übrigen CrO-Werten deuten allerdings die für die Gene *Cr*, *Fru* und *M* einen schwachen Zusammenhang zwischen ihrer Spaltung und der nach fertil : semisteril an. Diesen CrO-Werten kann indessen teils wegen der großen mittleren Fehler, teils aber vor allem wegen der bei sehr schwach entwickelten Pflanzen mehr oder weniger unsicheren Lage der Grenze zwischen fertil und semisteril keine Beweiskraft beigemessen werden. Wenn auch beim Beurteilen des Fertilitätsgrades alle Hülsen jeder Pflanze auf Anzahl Samenansätze und aus diesen entwickelte Samen klassifiziert werden, so gibt es doch immer eine geringe Anzahl Individuen, die auf Grund schwacher Entwicklung nur eine oder zwei Hülsen ausgebildet haben. Und in solchen Fällen können Werte erhalten werden, die nahe der Abgrenzung von fertil zu semisteril entweder auf die eine oder andere Seite dieser gelangen können.

In diesem Zusammenhang sei darauf verwiesen, daß betreffs der drei erwähnten Gene eine Überführung von nur drei oder vier Individuen aus der fertilen in die semisterile Gruppe oder umgekehrt die vorhandene Andeutung zu Koppelung auslöschen würde. Damit soll natürlich nicht gesagt sein, daß keines der drei erwähnten Gene nicht doch einen Zusammenhang mit der Spaltung nach fertil : semisteril hat. Aber um dies zu beweisen, sind weitere Kreuzungsversuche erforderlich.

Zusammenfassung

1. Es wird ein durch ein einzelnes Gen, *pat*, bedingter *Pisum*-Typ aus Afghanistan mit schalenförmigen Blättchen, *patelliformis*, beschrieben.
2. Es werden die Ergebnisse einer in weiteren neun Genen spaltenden Kreuzung mitgeteilt.
3. Die Afghan-Linie hat abweichende Chromosomenstruktur und führte in der Kreuzung zu Spaltung nach 1 fertil : 1 semisteril.
4. Das Gen *pat* konnte im Chromosom IV sicher lokalisiert werden; anschließend die Gene *td* und *fru*.
5. Ergänzt mit den Resultaten einer weiteren Kreuzung ergibt sich folgende Koppelungsgruppe: *pat-td-fru-pro-le*. Neu untergebracht im Chromosom IV sind von diesen *fru* und *pat*.

6. Ein Studium der Beziehungen zwischen Genspaltung und der nach fertil : semisteril zeigt für *pat* einen starken Zusammenhang mit $CrO = 13,3 \pm 2,65\%$.

Summary

1. A new character of the leaflets of *Pisum*, *patelliformis* (gene *pat*), is described. It was found in material from Afghanistan.

2. The results of a cross, simultaneously segregating in nine further genes are communicated.

3. The Afghan-line has deviating structure of the chromosomes. In connexion herewith the cross segregated into 1 fertile : 1 semisterile.

4. The gene *pat* could be localized in chromosome IV; in conjunction with the genes *td* and *fru*.

5. Together with the results of an other cross the following linkage-group could be demonstrated: *pat-td-fru-pro-le*. New localized in chromosome IV is here also the gene *fru*.

6. A study of the relations between segregation of genes and that into fertile : semisterile shows a strong connexion for the gene *pat* with a CrO of $13.3 \pm 2.65\%$.

Schriften

- LAMPRECHT H. 1948. The Variation of Linkage and the Course of Crossingover. — Agri Hort. Genet. 6: 10—48.
- 1950. The Degree of Ramification in *Pisum* caused by Polymeric Genes. — Agri Hort. Genet. 8: 1—6.
 - 1955. Über die Wirkung der Gene *Con* und *Co* bei *Pisum* mit einer Übersicht von bisher über die Vererbung der Hülsenform Bekanntem. — Agri Hort. Genet. 13: 19—36.
 - 1958. Eine *fruticosa*-Röntgenmutante von *Pisum*. — Agri Hort. Genet. 16: 130—144.
 - 1962. Studien zur Vererbung des Höhenwachstums von *Pisum* sowie Koppelungsstudien. — Agri Hort. Genet. 20: 23—62.
 - 1969. Die Beziehungen zwischen Crossover-Werten und relativer Länge der Chromosomen. Eine Studie im Chromosom I von *Pisum*. — Sitz.-Ber. österr. Akad. Wiss., math.-naturwiss. Kl. (im Druck).

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Phyton, Annales Rei Botanicae, Horn](#)

Jahr/Year: 1969

Band/Volume: [13_3_4](#)

Autor(en)/Author(s): Lamprecht Herbert Anton Karl

Artikel/Article: [Ein Gen für schalenförmige Blättchen von Pisum und seine Koppelung. 153-160](#)