

Phyton (Austria)	Vol. 13	Fasc. 3—4	161—167	11. X. 1969
------------------	---------	-----------	---------	-------------

Über ein Gen für einen auffallend grazilen Wuchs von *Pisum*

Von

Herbert LAMPRECHT ¹⁾

Eingelangt am 10. Oktober 1968

Der Habitus der Erbsenpflanze wird durch eine ziemlich große Anzahl von Genen bedingt. Im Zusammenhang hiermit steht die ungewöhnlich große Variation sowohl wild vorkommender Rassen wie auch von Kulturpflanzen. Als Extreme kommen bei letzteren allerdings nur durch Genmutation entstandene Formen in Frage. Von wildwachsendem Material findet man in Südungarn, in den Balkan- und Mittelmeerländern zahlreiche Rassen, die unseren Ackererbsen so nahestehen, daß sie als ganz in deren Variationskreis fallend aufgefaßt werden können.

Als im Habitus stark von diesen abweichend sind die an karge Umweltverhältnisse angepaßten oect. *fulvum* und *humile* zu nennen (s. LAMPRECHT 1951 und 1961 a). Beide sind im Vorderen Orient beheimatet. Namentlich *humile*, das häufig in Felsenritzen wächst, hat außer einem stark verzweigten Stamm einen sehr grazilen Wuchs, wie er bei keiner Kulturform der temperierten Zone anzutreffen sein dürfte. Trotz seiner nur etwa 40 cm erreichenden Höhe ist es durch das dominante Allel *Le* für unsere hochwüchsigen *Pisum*-Varietäten gekennzeichnet. Außer in bezug auf dieses Gen *Le*, den *ascendens*-Habitus, die Stammverzweigung (Gene *fru* und *fr*) und die Blütenfarbe liegt keine genanalytische Untersuchung dieses oect. vor (s. LAMPRECHT 1951).

Innerhalb unserer Kulturformen konnten bisher nicht weniger als 16 Mutationen einzelner Gene nachgewiesen werden, die je einen ganz bestimmten Einfluß auf den Habitus, hauptsächlich auf das Höhenwachstum haben. Die Variationsbreite der sehr zahlreichen Kombinationen umfaßt Zwergformen von nur 5 bis 15 cm Höhe, die aber sonst normale Entwicklung zeigen, bis zu den Slender-Typen, die etwa 350 cm Höhe erreichen.

Jedes der erwähnten 16 Gene hat einen bestimmten Einfluß auf die

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

Länge oder Anzahl der Internodien, sodaß mit einer Anzahl von nicht weniger als 65.526 homozygoten, genetisch verschiedenen Kombinationen zu rechnen ist. Und alle diese können noch kombiniert werden mit den beiden Genen für Stammverzweigung, *fr* und *fru*, den Genen *fa* und *fas* für den *fasciata*-Stamm sowie mit dem Gen *t* für Stammdicke.

Während die zahlreichen Habitus-Typen, auf die oben abgezielt worden ist, ihre Gestaltung immer dem Zusammenwirken einer größeren Anzahl von Genen zu verdanken haben, wird der hier zu besprechende Typ durch die Wirkung eines einzigen rezessiven Allels verursacht. Das in Frage stehende Allel bedingt einen durchweg zarten, grazilen Wuchs der ganzen Pflanze, der alle ihre Teile betrifft. Dieser Typ soll als *subtilis* bezeichnet und das für ihn verantwortliche Gen mit *sub* symbolisiert werden. Die Pflanzen sind etwa 25% kleiner als ihre normalwüchsigen Geschwister, aber überdies in allen Teilen, Stengel, Verzweigungen und Blättern auffallend zart.

Der *subtilis*-Typ hat in der F_2 meiner Kreuzung Nr. 1450 in 7 Familien monogen rezessiv ausgespalten. Es wurden drei F_2 (1962 bis 1964) untersucht, aber die *subtilis*-Ausspaltung fand nur in der letzten F_2 statt. Die Kreuzung Nr. 1450 ist ausgeführt zwischen den Linien 1382 und 1393. Linie 1382 ist eine Auslese aus der deutschen Ackererbse „Späths Violetta“. Linie 1393 geht auf eine Pflanze der F_6 meiner Kreuzung 1180 zurück.

Kreuzung 1180 ist L. 582 \times L. 1080. Die L. 582 wurde von einem englischen Züchter unter der Bezeichnung „Wildtyp mit schwarzvioletten Samen“ erhalten. Linie 1080, eine der wichtigsten Testlinien, stammt aus meiner Kreuzung 746: L. 578 \times L. 621. L. 578 stammt aus Kr. 246: L. 19 aus H. u. O. TEDINS 0652 (1928) aus der dänischen Ackererbse „Glaenö“ \times L. 232 aus „de WINTON“ (1927). Linie 1080 ist *Le A z s Ust gri com Sul st b k cp gp te d wb* (s. LAMPRECHT 1960 und 1961 b). Linie 621 stammt aus Kr. 272: L. 241 aus der deutschen Sorte „Goldfähnchen“ mit gelben Hülsen \times L. 234, ein Findling, angetroffen in einer Ackererbse, charakterisiert durch blauviolett gestreifte Testa, Gen *Ust*.

Ein Vergleich der genotypischen Konstitution der zu Kr. 1450 benutzten Linien ergibt folgendes (hierbei sind Modifikationsgene für die Blütenfarbe nicht berücksichtigt):

Linie 1382: *Le A R I D F foe Ins K Pafl Pl St Sub Wb Z*.

Linie 1393: *Le A R I d f Foe ins k pafl pl st sub wb z*.

Dieser Vergleich zeigt, daß die Elternlinien von Kr. 1450 sich außer im Gen *sub* in weiteren zehn sicher zu klassifizierenden Genen unterscheiden. Die Manifestation der in Kr. 1450 spaltenden 11 Gene ist kurz folgende.

D — d: Zusammen mit *A Am Ar B Cr Ce* purpurfarbigen Ring an der Stipelbasis um den Stengel — ohne solchen.

F — f: Zusammen mit *A Am Ar B Cr Ce* feine blauviolette Punktierung der Testa — ohne solche.

- Foe* — *foe*: Samen der Konstitution *R* (*A* oder *a*) *l* rund bis rundlich, ohne unregelmäßige kleine, mehr weniger runzelige Eindrücke — mit solchen. Nicht zu verwechseln mit der Manifestation von *r*.
- Ins* — *ins*: Blättchen terminal gerundet oder spitz, aber ohne Einschnitt — mit deutlich winkeligem Einschnitt, von dessen Grund der Blattnerf nach außen fortsetzt.
- K* — *k*: Flügel normal ausgebildet — schiffchenähnlich reduziert.
- Pafl* — *pafl*: Blüten von normaler Größe — auffallend, etwa $\frac{1}{3}$ kleiner; *parviflorus*.
- Pl* — *pl*: Hilum zusammen mit *A Ar B* normal ausgebildet und schwarz, mit *A ar B* sehr schmal, reduziert — weiß oder bräunlich.
- St* — *st*: Nebenblätter normal entwickelt — erheblich schmaler, aber auch kürzer und zungenförmig.
- Sub* — *sub*: Normale Entwicklung der Pflanze — auffallend grazil (s. o.).
- Wb* — *wb*: Ganze Pflanze normal wachsig — wenig wachsig, nur die Hülsen ganz ohne Wachs.
- Z* — *z*: Grundgen für die Teilfarbigkeit von *A mp*-Samen — *A z mp* gibt verschiedene Typen von Teilfarbigkeit.

Die F_1 von Kreuzung 1450 zeigt in allen oben angeführten Merkmalen die erwartete Dominanz. Es herrschte ausgesprochene Semisterilität mit einer Fertilität von 46,8%. Die Ursache ist eine abweichende Chromosomenstruktur der Linie 1393 (s. u.). In F_2 wurden folgende monogene Spaltungen beobachtet:

172 <i>D</i>	: 46 <i>d</i> ;	$D/m = 1,96$
165 <i>F</i>	: 53 <i>f</i> ;	$D/m = 0,23$
165 <i>Foe</i>	: 53 <i>foe</i> ;	$D/m = 0,23$
155 <i>Ins</i>	: 63 <i>ins</i> ;	$D/m = 1,33$
168 <i>K</i>	: 50 <i>k</i> ;	$D/m = 0,70$
156 <i>Pafl</i>	: 62 <i>pafl</i> ;	$D/m = 1,17$
168 <i>Pl</i>	: 50 <i>pl</i> ;	$D/m = 0,70$
177 <i>St</i>	: 21 <i>st</i> ;	$D/m = 2,11$
169 <i>Sub</i>	: 40 <i>sub</i> ;	$D/m = 1,90$
176 <i>Wb</i>	: 42 <i>wb</i> ;	$D/m = 1,96$
162 <i>Z</i>	: 56 <i>z</i> ;	$D/m = 0,23$

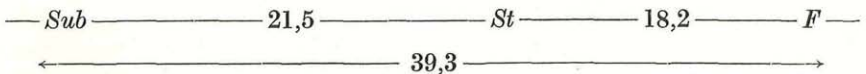
Wie ersichtlich, spalteten alle 11 Gene in guter Übereinstimmung mit dem monogenen 3 : 1 Verhältnis. Die Individuenzahl der in *Sub* spaltenden Familien ist um 9 geringer als die der übrigen, da drei Familien mit zusammen 9 Individuen nicht in *Sub* gespalten haben. An der monogenen Spaltung änderte dies nichts. Ausgeschlossen wurden diese mit Hinblick auf die Berechnung der CrO-Werte (s. u.).

Es folgen nun die digenen Spaltungsverhältnisse mit CrO-Werten. Dabei werden berücksichtigt: sämtliche Kombinationen mit dem neuen Gen *sub* sowie die Kombination der zusammen mit *sub* im Chromosom III gelegenen Gene *F* und *St*. K = Koppelungs-, R = Repultionsphase.

135 <i>Sub D</i> : 34 <i>Sub d</i> : 29 <i>sub D</i> : 5 <i>sub d</i> ;	CrOK = 44,3 ± 4,85%
D/m = +2,44 -0,92 -1,80 -0,59	
133 <i>Sub F</i> : 36 <i>Sub f</i> : 25 <i>sub F</i> : 15 <i>sub f</i> ;	CrOK = 39,3 ± 4,53%
D/m = +2,16 -0,57 -2,52 +0,55	
134 <i>Sub Foe</i> : 44 <i>Sub foe</i> : 31 <i>sub Foe</i> : 9 <i>sub foe</i> ;	CrOR = 48,3 ± 5,17%
D/m = +1,55 +0,54 -1,71 -1,29	
127 <i>Sub Ins</i> : 51 <i>Sub ins</i> : 28 <i>sub Ins</i> : 12 <i>sub ins</i> ;	CrOK = 49,1 ± 5,02%
D/m = +0,60 +1,76 -2,23 -0,45	
133 <i>Sub K</i> : 36 <i>Sub k</i> : 26 <i>sub K</i> : 14 <i>sub k</i> ;	CrOK = 40,6 ± 4,62%
D/m = +2,16 -0,57 -2,34 +0,27	
134 <i>Sub Pafl</i> : 44 <i>Sub pafl</i> : 22 <i>sub Pafl</i> : 18 <i>sub pafl</i> ;	CrOK = 37,7 ± 4,35%
D/m = +1,55 +0,54 -3,28 +1,23	
132 <i>Sub Pl</i> : 37 <i>Sub pl</i> : 29 <i>sub Pl</i> : 11 <i>sub pl</i> ;	CrOK = 45,8 ± 4,93%
D/m = +2,02 -0,39 -1,80 -0,59	
152 <i>Sub St</i> : 17 <i>Sub st</i> : 18 <i>sub St</i> : 22 <i>sub st</i> ;	CrOK = 21,5 ± 3,28%
D/m = +4,80 -3,93 -3,76 +2,55	
136 <i>Sub Wb</i> : 33 <i>Sub wb</i> : 31 <i>sub Wb</i> : 9 <i>sub wb</i> ;	CrOK = 47,5 ± 5,04%
D/m = +2,57 -1,10 -1,45 -1,16	
120 <i>Sub Z</i> : 49 <i>Sub z</i> : 34 <i>sub Z</i> : 6 <i>sub z</i> ;	CrOK = ca. 50%
D/m = +0,34 +1,76 -0,92 -2,02	
147 <i>F St</i> : 11 <i>F st</i> : 23 <i>f St</i> : 28 <i>f st</i> ;	CrOK = 18,2 ± 3,00%
D/m = +4,11 -3,93 -2,87 +4,27	

Prüft man die CrO-Werte, so zeigen vier von ihnen eine Koppelung an. Dem Grade der Koppelung nach geordnet sind dies: *F—St* mit 18,2 ± 3,00%, *Sub—St* mit 21,5 ± 3,28%, *Sub—Pafl* mit 37,7 ± 4,35% und *Sub—F* mit 39,3 ± 4,55%. Wie ersichtlich, zeigt das im Chromosom III gelegene Gen *St* (s. LAMPRECHT 1961 b) starke Koppelung mit dem Gen *Sub*. Und die Koppelung von *St* mit *F* ist seit langem mit einem mittleren CrO-Wert von 13,5 ± 2,68% gut bekannt (LAMPRECHT 1961 b). Es muß daher auch die Koppelung von *Sub* mit *F* als gesichert betrachtet werden, was folgendes Bild der Lage von *Sub* im Verhältnis zu den Genen *F* und *St* gibt.

Chromosom III:



Der für die Koppelung von *Sub* mit *Pafl* erhaltene Wert von 37,7 ± 4,35% würde alleinstehend als keine sichere Koppelung anzeigend aufgefaßt werden. *Pafl* gab auch weder mit *F* noch mit *St* für Koppelung sprechende Werte, nämlich mit *F* 57,5 ± 5,50% und mit *St* 45,3 ± 4,8%. Im

übrigen ist die Lage des Gens *Pafl* im Chromosom II wie folgt vollkommen gesichert:

—S————— 34,4 ————— Wb ————— 25,5 ————— K — 10,7 — *Pafl* —

Im Zusammenhang mit diesen Koppelungsstudien sei abermals hervorgehoben, von wie großer Bedeutung es für den Nachweis eines bestimmten Gens und seiner Manifestation ist, seine Lage in einem Chromosom sichergestellt zu haben. Wiederholt ist das Vorkommen von recht zahlreichen polymeren Genen bei *Pisum* besprochen worden. Bisher sind wenigstens 25 sichergestellt. Kennt man dann nur die Manifestation, so weiß man nicht, welchem von zwei polymeren Genen diese zugeschrieben werden soll.

In vielen Fällen kann auch der pleiotrope Effekt eines Gens für ein ganz anderes Merkmal als das untersuchte dieses in seiner Ausprägung beeinflussen und so die Wirkung eines bisher unbekanntes Gens vortäuschen. Das Gen *pafl* (von *parviflorus* = kleinblütig) ist dafür ein sehr gutes Beispiel. Meine Studie von 1963 zeigt, daß es eine ganze Reihe von erblich fixierten Größen und Formen der *Pisum*-Blüte gibt.

Es ist vorgekommen, daß solche Differenzen als Ausdruck der Manifestation von bestimmten Genen für diese Merkmale aufgefaßt worden sind, obgleich dies durch keine genanalytischen Ergebnisse eindeutig bewiesen war. Auch wenn eine solche Genspaltung auf ein Merkmalspaar hingewiesen hätte, so war man doch nicht sicher, ob nicht Gene für ganz andere Merkmale der Pflanze dieser indirekt zugrunde gelegen hätten. Ganz anders und eindeutig wird aber die Wirkung eines bestimmten Gens erfaßt, wenn seine Lage in einem der Chromosomen hat nachgewiesen werden können. Und gerade so verhält es sich hier mit den beiden Genen *pafl* und *sub*.

Eventueller Zusammenhang zwischen der Spaltung in den Genen *sub*, *st* und *f* und der nach fertil: semisteril

Wie erwähnt, war die F_1 der Kreuzung 1450 typisch semisteril mit einem Fertilitätsprozent von 46,8%. Die Beurteilung des Sterilitätsgrades stieß in der F_2 von 1964, die im Gen *Sub* spaltete, auf große Schwierigkeiten. Wie üblich, wurden in jeder Hülse die Anzahl der Samenanlagen und der daraus entwickelten Samen ermittelt. Infolge der außerordentlichen Trocknis dieses Jahres haben sowohl Hülsen- wie Samenentwicklung stark gelitten. Im Zusammenhang hiermit konnten von den 218 Individuen nur 52 als einigermaßen sicher fertil klassifiziert werden, obwohl theoretisch die Hälfte, also etwa 109, zu erwarten gewesen wären.

Die CrO-Werte für die Spaltung in den drei Genen *F*, *St* und *Sub* und fertil: semisteril wurden daher ausgehend von dem Verhältnis 166 mehr weniger steril: 52 fertil berechnet. Bei einem deutlichen Zusammen-

hang zwischen der Genenspaltung und der in Fertilität hat man auch hier zu rechnen, daß dieser deutlich zutage treten wird. Es resultierten folgende drei Verhältnis- und CrO-Werte (f = fertil, sst = semisteril):

124 $F sst$: 42 $f sst$: 41 $F f$: 11 $f f$;	CrO = $35,2 \pm 9,9\%$
136 $St sst$: 30 $st sst$: 41 $St f$: 11 $st f$;	CrO = $36,4 \pm 10,9\%$
136 $Sub sst$: 30 $sub sst$: 42 $Sub f$: 10 $sub f$;	CrO = $41,7 \pm 18,0\%$

Mit Hinblick auf die Größe der mittleren Fehler der CrO-Werte weist keiner von diesen auch nur auf einen schwachen Zusammenhang zwischen Spaltung in Genen und der nach Fertilität: Semisterilität hin. Daraus kann geschlossen werden, daß im Chromosom III in dieser Kreuzung keine die Gene F , St und Sub treffende Translokation vorhanden ist.

Zusammenfassung

1. Einleitend wird die sehr große Variation des Habitus, insbesondere des Höhenwachstums bei *Pisum* besprochen. Nicht weniger als 21 Gene sind daran beteiligt.

2. Es wird ein neuer, besonders graziler Typ beschrieben, der durch Rezessivität in einem einzigen Gen *sub* (von *subtilis*) bedingt wird.

3. Das Gen *sub* ist als Mutante in der F_2 einer Kreuzung aufgetreten und ist im Chromosom III mit F und St wie folgt gekoppelt:

— *Sub* ————— 21,5 ————— *St* ————— 18,2 ————— *F* —

4. Die Kreuzung war semisteril, aber zwischen der Spaltung in F , St und Sub und der nach fertil: semisteril bestand kein Zusammenhang, sodaß anzunehmen ist, daß die Translokation nicht das Chromosom III getroffen hat.

Summary

1. Introductory the very great variation of the habitus, especially of the height is discussed. Not less then 21 genes are responsible for this variation.

2. A new mutant in a gene *sub* (from *subtilis*) characterized by a remarkable tenderness of the whole plant is described.

3. The *subtilis*-type was obtained in the F_2 of a cross. *Sub* is localized in chromosome III and is linked with F and St in the following way:

— *Sub* ————— 21,5 ————— *St* ————— 18,2 ————— *F* —

4. The cross in question was semisterile. There was no relation between the segregation in the three genes and that into fertile: semisterile. Thus, there was no translocation in Chromosome III.

Schriften

- LAMPRECHT H. 1951. Genanalytische Studien zur Artberechtigung von *Pisum humile* BOISS. et NOE. — Agri Hort. Genet. 9: 107—134.
- 1960. Zur Wirkung und Koppelung des Gens *Ca*, ein neues Gen für Teilfarbigkeit sowie weitere Koppelungsergebnisse bei *Pisum*. — Agri Hort. Genet. 18: 74—85.
 - 1961a. *Pisum fulvum* SIBTH. et SM. Genanalytische Studien zur Artberechtigung. — Agri Hort. Genet. 19: 269—297.
 - 1961b. Die Genekarte von *Pisum* bei normaler Struktur der Chromosomen. — Agri Hort. Genet. 19: 360—401.
 - 1963. Ein Gen für einen bedeutenden Unterschied in der Blütengröße von *Pisum* und seine Koppelung. — Agri Hort. Genet. 21: 137—148.
- TEDIN H. u. O. 1928. Contributions to the Genetics of *Pisum*, V. Seed Coat Colour, Linkage and Free Combination. — Hereditas 11: 1—62, 1 pl.
- WINTON D. de. 1927. Further Linkage Studies in *Pisum sativum* and *Primula sinensis*. — Verh. V. Intern. Kongr. Vererbsswiss. Berlin 2: 1594—1600.

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: [Über ein Gen für auffallend grazilen Wuchs von Pisum. 161-167](#)