

***Brassica* - Wildarten als neue genetische Ressource
für die Rapszüchtung**

Dissertation
zur Erlangung des Doktorgrades
der Fakultät für Agrarwissenschaften
der Georg-August-Universität Göttingen

vorgelegt von
Tobias Jesske
geboren in Wolfenbüttel

Göttingen, im Mai 2011

D 7

1. Referent: Prof. Dr. Heiko C. Becker

2. Korreferent: PD Dr. Rod Snowdon

Tag der mündlichen Prüfung: 21. Juli 2011

Meinen Eltern

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
1.1	Agronomische Bedeutung des Rapses	1
1.2	Resynthesen	2
1.3	Wildarten der <i>Brassica oleracea</i> -Gruppe	4
1.4	Zielsetzung.....	5
2	Material und Methoden	7
2.1	Pflanzenmaterial	7
2.1.1	<i>Brassica napus</i> L. – Resynthesen und Zuchtmaterial	7
2.1.2	<i>Brassica</i> -Wildarten.....	13
2.2	Anzucht der Pflanzen und Probenahme	15
2.2.1	Resynthesen und Rapsorten für AFLP und Testkreuzungen.....	15
2.2.2	Wildkohle für Blattglucosinolatanalysen	15
2.3	AFLP-Markeranalysen.....	16
2.3.1	DNA-Extraktion	16
2.3.2	AFLP-Analysen.....	16
2.3.3	Auswertung der AFLP-Daten	19
2.4	Feldversuche.....	21
2.4.1	Erstellung von Testkreuzungen	21
2.4.2	Leistungsprüfungen der Testhybriden.....	21
2.4.3	Beobachtungsanbau der Testhybriden	23
2.4.4	Beobachtungsanbau der Resynthesen	24
2.4.5	Merkmalerfassung	24
2.5	Analysen der Inhaltsstoffe	25
2.5.1	Probenaufarbeitung	25
2.5.2	Nahinfrarotspektroskopie (NIRS)	25
2.5.3	Gaschromatographie (GC) zur Bestimmung der Fettsäuremuster	26
2.5.4	HPLC (high performance liquid chromatography) zur Bestimmung der Glucosinolatgehalte und der Glucosinolatmuster	27
2.6	Statistische Auswertung	29
3	Ergebnisse	31
3.1	AFLP-Markeranalysen.....	31
3.1.1	Genetische Distanzen.....	31
3.1.2	Hauptkoordinatenanalyse	34
3.1.3	Clusteranalyse	35
3.2	Charakterisierung der <i>Brassica</i> -Wildarten.....	39
3.2.1	Fettsäuremuster	39
3.2.2	Blattglucosinolatgehalt und –muster	42

3.3	Agronomische Eigenschaften der Resynthesen.....	46
3.3.1	Fettsäuremuster des Saatgutes.....	46
3.3.2	Merkmale im Beobachtungsanbau.....	48
3.4	Agronomische Eigenschaften der Testkreuzungen.....	59
3.4.1	Erstellung der Testkreuzungen.....	59
3.4.2	Merkmale im Beobachtungsanbau.....	60
3.4.3	Leistungsprüfungen.....	73
4	Diskussion.....	84
4.1	Markeranalysen.....	84
4.2	Charakterisierung der Brassica-Wildarten.....	88
4.3	Agronomische Eigenschaften der Resynthesen.....	92
4.4	Agronomische Eigenschaften der Testkreuzungen.....	95
4.4.1	Erstellung der Testkreuzungen.....	95
4.4.2	Beobachtungsanbau und Leistungsprüfungen der Testkreuzungen.....	96
4.5	Fazit und Ausblick.....	101
5	Zusammenfassung.....	102
6	Literaturverzeichnis.....	106
7	Anhang.....	113

1 Einleitung

1.1 Agronomische Bedeutung des Rapses

Raps (*Brassica napus*) ist eine, im Vergleich mit anderen Kulturarten wie Mais (*Zea mays*) oder Weizen (*Triticum aestivum*), sehr junge Kulturpflanze aus der Familie der Kreuzblütler (*Brassicaceae*, ehemals *Cruciferae*). Die ältesten Hinweise der Nutzung von Raps zur Ölgewinnung stammen erst aus dem 16. Jhd. aus den Niederlanden (TOXOPEUS 1979, vgl. GIRKE 2002). Eine intensive züchterische Bearbeitung erfolgt aber erst seit wenigen Jahrzehnten. In dieser kurzen Zeit hat sich der Raps zu einer der wichtigsten Öl- und Eiweißpflanzen entwickelt. Mit einer weltweiten Produktion von 56,5 Mio. Tonnen im Jahr 2010 (FAO 2010) rangiert der Raps nach der Sojabohne (*Glycine max*) an zweiter Stelle der Ölsaaten. In Europa steht er mit einer Anbaufläche von 6,9 Mio. ha und einer Produktionsmenge von ~28 Mio. Tonnen sogar an erster Stelle (BMELV 2010). Diese rasante Entwicklung war vor allem aufgrund der Züchtung des 00-Rapses möglich. Dieser enthält praktisch keine Erucasäure und weist einen sehr geringen Samenglucosinolatgehalt auf, wodurch ein großer Schritt in der Verwertbarkeit des Rapsöles als Nahrungsmittel sowie der Verwendbarkeit der Pressrückstände als Tierfutter gemacht wurde.

Einen weiteren Fortschritt in der Rapszüchtung erbrachte die Entwicklung stabiler Hybridsysteme. Die größte Bedeutung haben hierbei das Ogura/INRA cms-System, welches durch Protoplastenfusion von Ölrettich und Raps entwickelt wurde (RENARD et al. 1997) und das MSL-System, welches auf eine spontane Mutation und anschließende Selektion zurückzuführen ist (PAULMANN & FRAUEN 1998). Seit kurzem steht außerdem ein neues kerngenetisch vererbtes System von der Firma Syngenta mit dem Namen SafecrossTM für die Entwicklung von Hybridsorten zur Verfügung. Im Gegensatz zum MSL- und SafecrossTM-System, für die, soweit bekannt, alle Rapsformen als Restorer fungieren, werden für das Ogura/INRA cms-System spezielle Restorer-Linien als Bestäuber benötigt.

Um auf Dauer einen konstanten Fortschritt in der Pflanzenzüchtung gewährleisten zu können, ist jedoch ein möglichst divergentes Ausgangsmaterial unabdingbar. Dieses ist im Raps so nicht verfügbar. Das Zuchtmaterial weist hier einen hohen Verwandtschaftsgrad auf, wie in einer Reihe von Studien nachgewiesen wurde (vgl. DIERS & OSBORN 1993, BECKER et al. 1995; KNAAK 1996; VOSS et al. 1998;

LOMBARD et al. 2000, PLIESKE & STRUSS 2001; GIRKE 2002; HASAN et al. 2006). Zu erklären ist dies einerseits damit, dass die intensive Züchtung auf bestimmte Qualitätsmerkmale im Raps zu einer Einengung der genetischen Basis geführt hat (SEYIS et al. 2001 und 2005; HASAN et al. 2004), und andererseits das heutige Zuchtmaterial vermutlich auf wenige Ausgangspflanzen hybridogenen Ursprungs zurückgeht (BECKER et al. 1995).

1.2 Resynthesen

Erst 1833 wurde der Raps botanisch durch METZGER eindeutig vom Rübsen unterschieden. Dieser erkannte auch anhand morphologischer Merkmale, dass die Entstehung des Rapses (*Brassica napus*; AACCC, $2n = 38$) auf eine Kreuzung von Rübsen (*Brassica rapa*; AA, $2n = 20$) und Kohl (*Brassica oleracea*; CC, $2n = 18$) zurückgehen muss. Cytogenetische Analysen ließen MORINAGA (1934) ebenfalls zu dieser Schlussfolgerung kommen, die durch U (1935) bestätigt wurde. MORINAGA (1934) und U (1935) belegten durch ihre cytogenetischen Untersuchungen und Kreuzungsstudien außerdem die amphidiploide Struktur des Genoms von *Brassica napus* (AACCC, $2n = 38$) sowie den verwandten Arten *Brassica juncea* (AABB, $2n = 36$), die auf Hybridisation zwischen *B. rapa* (AA, $2n = 20$) und *B. nigra* (BB, $2n = 16$) zurückgeht, und *B. carinata* (BBCC, $2n = 34$), die ursprünglich aus einer Kreuzung zwischen *B. nigra* (BB, $2n = 16$) und *B. oleracea* (CC, $2n = 18$) entstanden ist.

Aufgrund dieser amphidiploiden Struktur des Rapses ist es möglich durch artifizielle Kreuzungen von Rübsen und Kohl neue Rapsformen, sogenannte Resynthesen zu erschaffen. Das diese zur Erweiterung der genetischen Variabilität des Rapsgenpools genutzt werden können, wurde in der Züchtungsforschung schnell erkannt (SEYIS et al. 2001). Dabei stand zunächst die Verbesserung agronomischer Merkmale wie Winterhärte, Öl- und Korntrug und Krankheitstoleranz im Vordergrund (FRIEDT & LÜHS 1994). Beispiele hierfür finden sich unter anderem bei RUDORF (1951, 1958), HOFFMANN & PETERS (1958); OLSSON (1960) (vgl. FRIEDT & LÜHS 1994). Später wurden Resynthesen auch erfolgreich in der Züchtung eingesetzt. So sind unter anderem die deutsche Sorte ‚Rapol‘ sowie die schwedischen Sorten ‚Panter‘ und ‚Norde‘ aus Kreuzungen mit Resynthesen hervorgegangen (OLSSON 1986). Die Sorte ‚Rapol‘ wurde in

Deutschland sogar als Kreuzungselter in der Linienzüchtung eingesetzt (BECKER et al. 1999). Mit der Einführung des 00-Rapses ging die Bedeutung der Resynthesen als direkte Kreuzungspartner in der Sortenentwicklung zurück, da sie in der Regel hohe Glucosinolatgehalte und Erucasäure aufweisen. Dennoch behielten sie eine gewisse Bedeutung als Quelle von verschiedenen züchterisch interessanten Eigenschaften wie Krankheitsresistenzen z.B. gegen Kohlhernie (DIEDERICHSEN 1992) und Phoma (MITHEN & MAGRATH 1992) oder extreme Fettsäuremuster (z.B. hohe Erucasäuregehalte (LÜHS & FRIEDT 1994). Eine umfangreiche Übersicht hierzu findet sich bei FRIEDT & LÜHS (1994). Auch heutzutage stellen Resynthesen nach wie vor eine wichtige Quelle für Resistenzen gegen Schadorganismen dar. Dies zeigen unter anderem die Arbeiten von HAPSTADIUS et al. (2003) und RYGULLA et al. (2007a und b, 2008). In diesen Studien wurden *Brassica oleracea*-Akzessionen auf ihre Resistenz gegenüber *Verticillium longisporum* untersucht. Anschließend wurden die gefundenen resistenten Kohlformen zu Erstellung von resynthetisiertem Raps genutzt, um die in den Kohlen vorhandenen Resistenzen in den für die Rapszüchtung zur Verfügung stehenden Genpool zu überführen. Auch für die Hybridzüchtung werden die Resynthesen zunehmend interessant. GIRKE (2002) konnte zeigen, dass Resynthesen teilweise große genetische Distanzen zu derzeitigem Zuchtmaterial aufweisen, und dass Testhybriden aus angepasstem Winterrapszuchtmaterial und Resynthesen eine große Heterosis zeigen und hohe Erträge erbringen können. Auch SEYIS et al. (2005) konnten das hohe Ertragspotential solcher semisynthetischen Sorten auf Basis von Resyntheselinien aufzeigen.

Bisher wurden zur Erstellung von Resynthesen als Elter für das C-Genom fast ausschließlich Gemüseformen von *Brassica oleracea* verwendet. Durch ihre intensive züchterische Bearbeitung, weisen diese eine sehr große Formenvielfalt auf (vgl. GLADIS & HAMMER 1990 und 2003). Daneben gibt es aber auch eine ganze Reihe *Brassica oleracea*-Wildformen und nah verwandte *Brassica*-Wildarten, die, wie verschiedene Studien gezeigt haben, für interspezifischen Kreuzungen mit *Brassica rapa* verwendet werden können (INOMATA 1993 und 2002). Ihr Potential für die Rapszüchtung ist bisher, mit Ausnahme einer Arbeit von MITHEN & MAGRATH (1992), nicht untersucht wurden.

1.3 Wildarten der *Brassica oleracea*-Gruppe

Den Wildarten der *Brassica oleracea*-Formengruppen wird zunehmend eine große Bedeutung als Genreservoir für die Pflanzenzüchtung zugesprochen (SEYIS et al. 2001). Dies zeigt auch eine weltweite Umfrage bei Genbanknutzern, die ergab, dass es neben dem Interesse der Nutzer an den verschiedenen Sorten der wichtigsten *Brassica*-Arten auch ein großes Interesse an den verwandten Wildarten gibt (MCFERSON et al. 1996; vgl. BECKER 2001).

Nach HANELT (2001) besteht die Gruppe der C-Genom tragenden *Brassica*-Wildarten ($2n = 18$) aus zehn Arten, die eine große morphologische Diversität aufweisen. Sie kommen mit Ausnahme von *Brassica bourgeauii*, dem Kanaren-Kohl und *Brassica oleracea*, dem eigentlichen Wild-Kohl vor allem im Mittelmeergebiet vor (vgl. SNOGERUP et al. 1990. LANNÉR et al. 1997). Viele dieser Kohlarten sind endemisch in sehr kleinen Gebieten verbreitet. Hierzu gehören beispielsweise *Brassica macrocarpa*, die nur auf den Egadischen Inseln vorkommt oder auch *Brassica hilarionis*, die nur von wenigen Stellen auf der Insel Zypern bekannt ist.

Den absoluten Verbreitungsschwerpunkt stellt die Insel Sizilien dar, auf der insgesamt vier Arten vorkommen, während die meisten Arten keine überlappenden Verbreitungsgebiete aufweisen (vgl. SNOGERUP et al. 1990; LANNÉR et al. 1997).

Für einige Wildarten wird angenommen, dass sie an der Entwicklung der *Brassica oleracea*-Kulturformen beteiligt waren, so z.B. der Kretische Kohl (*Brassica cretica*) (HANELT 2001). Dies ist nicht weiter verwunderlich, da die Arten mehr oder weniger gut unter einander kreuzbar sind und anzunehmen ist, dass in ihren Verbreitungsgebieten auch Kohl-Kulturformen angebaut werden.

Wie verschiedenen Diversitätsstudien zeigen konnten, weisen die *Brassica*-Wildarten aus der *Brassica oleracea*-Gruppe nicht nur eine große morphologische Variabilität auf, sondern auch eine große genetische Diversität (LANNÉR et al. 1997; LÁZARO & AGUINAGALDE 1998; MEI et al. 2010). Diese große Diversität und die Tatsache, dass sie für die Herstellung von resynthetisierten Rapsformen genutzt werden können, macht sie für die Rapszüchtung äußerst interessant. Es ist zu erwarten, dass sie neben der von MITHEN & MARGATH (1992) beschriebenen

Resistenz gegen Phoma (aus *Brassica insularis*, syn. *B. atlantica*) viele weitere züchterisch interessante Eigenschaften aufweisen.

1.4 Zielsetzung

Wie bereits beschrieben, gibt es in der *Brassica oleracea*-Gruppe eine Reihe von Wildarten, die aufgrund ihrer großen phänotypischen (vgl. z.B. MITHEN 1987; VELASCO et al. 1998; VELASCO & BECKER 2000) und genetischen Diversität (vgl. LANNÉR et al. 1997; LÁZARO & AGUINAGALDE 1998; MEI et al. 2010) ein großes züchterisches Potential für die Rapszüchtung erwarten lassen.

Um zu überprüfen, wie groß dieses Potential tatsächlich ist, wurden Wild-Resynthesen (Resynthesen mit *Brassica oleracea*-Wildformen oder verwandten *Brassica*-Wildarten), die im Rahmen eines vorhergehenden Projektes erstellt wurden, zusammen mit einer Reihe „klassischer“ Resynthesen (Resynthesen mit *Brassica oleracea*-Kulturformen) und einem breitgefächertem Sortiment aus dem weltweiten Rapszuchtmaterial mittels molekularer Marker charakterisiert.

Des Weiteren wurden die agronomischen Eigenschaften der Wild-Resynthesen in Feldversuchen untersucht und die qualitätsbestimmenden Inhaltsstoffe ihre Samen bestimmt.

Da von den Resynthesen hinsichtlich ihrer Ertragseigenschaften keine überragenden Leistungen erwartet werden konnte, wurden Testkreuzungen mit zwei Testern aus dem angepasstem Winterrapsmaterial angefertigt. Hierfür wurden zwei männlich sterile Linien verwendet. Von diesen trug eine das MSL-System (MSL 007', NPZ) und die andere das SafecrossTM-System (RNX 4621', Syngenta). Diese beiden Systeme fanden Verwendung, da sie durch alle bekannten Rapsformen restauriert werden können. Das Ogura/INRA cms-System kam nicht zur Anwendung, da hier spezielle Restorer benötigt werden. Es ist somit für Versuche mit Resynthesen nur schlecht geeignet.

Aufgrund der hohen zu erwartenden genetischen Distanz der Wild-Resynthesen zum Zuchtmaterial war anzunehmen, dass die Testhybriden bei entsprechender Kombinationseignung der Wild-Resynthesen mit angepasstem Zuchtmaterial einen hohen Hybridertag erbringen. Auch die Testhybriden wurden in mehrortigen Feldversuchen hinsichtlich ihrer agronomischen Eigenschaften geprüft. Außerdem

wurden nach der Ernte die qualitätsbestimmenden Eigenschaften der Samen bestimmt.

Das Hauptziel dieser Arbeit war es somit, das bisher ungenutzte Potential der Wildarten durch ihre Verwendung als Elter für die Erstellung von Resynthesen für die Pflanzenzüchtung verfügbar zu machen, um auf diesem Wege den für die Rapszüchtung zur Verfügung stehenden Genpool zu erweitern. Die konkreten Fragestellungen, die sich dabei ergaben waren folgende:

- (1) Zeigen Resynthesen die mit *Brassica*-Wildarten erstellt wurden im Vergleich zu klassischen Resynthesen eine größere genetische Distanz zum angepassten Zuchtmaterial und stellen sie eine Erweiterung des für die Rapszüchtung nutzbaren Genpools dar?
- (2) Welche agronomischen Eigenschaften weisen derartige Resynthesen auf?
- (3) Wie gut ist die Kombinationseignung derartiger Resynthesen in Kreuzungen mit angepasstem Winterrapszuchtmaterial?

2 Material und Methoden

2.1 Pflanzenmaterial

2.1.1 *Brassica napus* L. – Resynthesen und Zuchtmaterial

Insgesamt wurden 71 resynthetisierte Rapslinien mittels AFLP-Analyse auf ihre genetische Verwandtschaft zum Zuchtmaterial untersucht. Das besondere Augenmerk lag dabei auf 44 „Wild“-Resynthesen, deren Abstammung auf Kreuzungen von *Brassica rapa* (A-Genom) mit insgesamt elf verschiedenen, das C-Genom tragenden, *Brassica*-Wildarten (*B. bourgeauii*, *B. cretica*, *B. incana*, *B. insularis*, *B. hilarionis*, *B. macrocarpa*, *B. montana*, *B. oleracea*, *B. rupestris*, *B. taurica* und *B. villosa*) zurückzuführen ist. Eine Übersicht über diese Wild-Resynthesen sowie über ihre Abstammung ist in Tabelle 2-1 gegeben, weitere Angaben zu den einzelnen, für die Erstellung der Resynthesen verwendeten, Wildkohl-Akzessionen sind aus Tabelle 2-4 zu entnehmen.

Tab. 2-1: Übersicht über die Abstammung der Wild-Resynthesen

Resynthese		Ausgangselter				
Bezeichnung	Mutter	Sorte / Typ ¹	Akzession	Vater	Sorte / Typ ¹	Akzession
BOY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. bourgeauii</i>	WS	BRA 2998 (= K 9825)
CRL 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	‘Largo’		<i>B. cretica</i> ssp. <i>aegaea</i>	WS	6346
CRY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. cretica</i>	WS	5971
CRY 2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. cretica</i> ssp. <i>aegaea</i>	WS	6021
HIL 1	<i>B. hilarionis</i>	WS	HRIGRU 12483	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	‘Largo’	
HIY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. hilarionis</i>	WS	7344
HIY 2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	A59	<i>B. hilarionis</i>	WS	HRIGRU 12483
INL 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	‘Largo’		<i>B. incana</i>	WS	6570
INL 2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	‘Largo’		<i>B. incana</i>	WS	6572
INY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. incana</i>	WS	6563
INY 3	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. incana</i>	WS	6569
INY 4	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. incana</i>	WS	6570
INY 5	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. incana</i>	WS	BRA 2918 (= K 8118)

¹WT = Wildtyp (nur für *B. oleracea* verwendet), WS = Wildart/-spezies, TK = traditionelles Kultivar

Tab. 2-1: Übersicht über die Abstammung der Wild-Resynthesen (Fortsetzung)

Resynthese	Ausgangselter					
Bezeichnung	Mutter	Sorte / Typ ¹	Akzes-sion	Vater	Sorte / Typ ¹	Akzes-sion
INY 6	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. incana</i>	WS	CGN18470
ISY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. insularis</i>	WS	7356
ISY 2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. insularis</i>	WS	BRA 2996 (= K 8934)
J 104	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	Syn 9	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 259
J 112	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	Syn 9	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 101
J 134	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 260	<i>B. rapa</i>	‚NPZ 00‘	
J 154	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 260	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	Syn 9
J 161	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	Syn 9	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 259
J 166	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 101	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	Syn 9
J 32	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	Syn 9	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 259
J 400	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 101	<i>B. rapa</i>	‚NPZ 00‘	
J 401	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 260	<i>B. rapa</i>	‚NPZ 00‘	
J 408	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 260	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	Syn 9
J 410	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	Syn 9	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 101
J 45	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	Syn 9	<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 108
MAY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. macrocarpa</i>	WS	6584
MOL 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	‚Largo‘		<i>B. montana</i>	WS	K 7220
MOL 2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	‚Largo‘		<i>B. montana</i>	WS	BRA 2946 (= K 8380)
MOL 4	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	‚Largo‘		<i>B. montana</i>	WS	6816
MOY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. montana</i>	WS	6801
MOY 2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. montana</i>	WS	6816
MOY 4	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. montana</i>	WS	6835
MOY 5	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. montana</i>	WS	BRA 2942 (= K 7220)
MOY 6	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. montana</i>	WS	CGN18472
MOY 7	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. montana</i>	WS	BRA 2993 (= K 7223)

¹ WT = Wildtyp (nur für *B. oleracea* verwendet), WS = Wildart/-spezies, TK = traditionelles Kultivar

Tab. 2-1: Übersicht über die Abstammung der Wild-Resynthesen (Fortsetzung)

Resynthese		Ausgangselter				
Bezeichnung	Mutter	Sorte / Typ ¹	Akzes-sion	Vater	Sorte / Typ ¹	Akzes-sion
OLL 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	„Largo“		<i>B. oleracea</i> ssp. <i>oleracea</i>	WT	BRA 258
OLY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. oleracea</i>	WT	7660
OLY 2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. oleracea</i> var. <i>selenisia</i>	TK	BRA 1668 (= K 9344)
RUY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. rupestris</i> ssp. <i>hispida</i>	WS	6580
TAY 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	RO18	<i>B. taurica</i>	WS	BRA 2947 (= K 9238)
VIL 1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	„Largo“		<i>B. villosa</i>	WS	HRIGRU 6848

¹ WT = Wildtyp (nur für *B. oleracea* verwendet), WS = Wildart/-spezies, TK = traditionelles Kultivar

Die übrigen 27 Resynthesen (siehe Tabelle 2-2.) basieren auf Kreuzungen diverser *Brassica rapa*-Formen mit sehr unterschiedlichen *Brassica oleracea*-Kulturformen. Sie wurden zu Vergleichszwecken als Vertreter der „klassischen“ Resynthesen in das Untersuchungssortiment integriert. Mit Ausnahme der acht aus der Universität Gießen (JLU) stammenden Resynthesen und der Resynthese RS 8/6 die ursprünglich aus der Freien Universität Berlin (FUB) stammt, wurden all diese Genotypen in der Arbeit von GIRKE (2002) untersucht.

Tab. 2-2: Übersicht über die Abstammung der Resynthesen mit *Brassica oleracea*-Kulturformen (vergl. GIRKE 2002)

Resynthese		Ausgangselter				
Bezeichnung	Mutter	Sorte / Typ	Akzes-sion	Vater	Sorte / Typ ¹	Akzes-sion
Resynthesen aus der GAU¹						
G 39	<i>B. oler.</i> conv. <i>capitata</i> var. <i>capitata</i>	‘Sun Up H’		<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	gelbsamig	
G 50	<i>B. olera.</i> conv. <i>acephala</i> var. <i>gongyloides</i>	‘Erfordia’		<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	gelbsamig	
H44	<i>B. oler.</i> conv. <i>capitata</i> var. <i>sabauda</i>	‘Eisenkopf’		<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	‘Ho46’	
H 149	<i>B. oler.</i> conv. <i>capitata</i> var. <i>medullosa</i>	‘Cavalier Rouge’		<i>B. rapa</i> ssp. <i>chinensis</i>	Pak Choi	
H 165	<i>B. oler.</i> conv. <i>capitata</i> var. <i>sabauda</i>	Wirsing		<i>B. rapa</i> ssp. <i>chinensis</i>	Pak Choi	
H 176	<i>B. oler.</i> conv. <i>capitata</i> var. <i>sabauda</i>	‘Praeco’		<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i> var. <i>laxa</i>	‘Hsiao Pai Kou Pai Tsai’	

¹GAU = Georg-August-Universität Göttingen, FUB = Freie Universität Berlin, JLU = Justus-Liebig-Universität Gießen

Tab. 2-2: Übersicht über die Abstammung der Resynthesen mit *B. oleracea*-Kulturformen (vergl. GIRKE 2002) (Fortsetzung)

Resynthese		Ausgangselter				
Bezeichnung	Mutter	Sorte / Typ	Akzes-sion	Vater	Sorte / Typ ¹	Akzes-sion
H355	<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>capitata</i>	'Hybrid 0'		<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	'Spring Giant'	
R 53	<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>sabellica</i>	'Winterkohl'		<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	'Early Hybrid G'	
R 76	<i>B. oler. conv. botrytis</i> var. <i>alboglabra</i>	'966-1-4SI		<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	'Eskisehir II'	
R 99	<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>capitata</i>	'Stone Head'		<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	China Kohl	
S39	<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>capitata</i>	S-S Cross Japan		<i>B. rapa</i> ssp. <i>chinensis</i>	Pak Choi	
Resynthesen aus der FUB¹						
RS 4/2	<i>B. rapa</i>	'I 85-326'		<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>sabellica</i> x <i>B. oler. conv. gemmifera</i>	'WS4'	
RS 4/6	<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	'Tokyo King'		<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>sabellica</i> x <i>B. oler. conv. gemmifera</i>	'WS4'	
RS 7/6	<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	'Tokyo King'		<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>medullosa</i>	'WS14'	
RS 8/6	<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	'Tokyo King'		<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>medullosa</i> x <i>B. oler. conv. gemmifera</i>	'WS15'	
RS 10/7	<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson		<i>B. oler. conv. fruticosa</i>	Strauchkohl	
RS 13/6	<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	China Kohl		<i>B. oler. conv. botrytis</i> var. <i>alboglabra</i>	China Brokkoli	
RS 239	<i>B. oler. ssp. botrytis</i> var. <i>botrytis</i>	Blumenkohl		<i>B. rapa</i> ssp. <i>trilocularis</i>	Yellow Sarson	
S13	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i> 4x	Ölrübsen		<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>medullosa</i>	Markstammkohl	
Resynthesen aus der JLU¹						
B 1/3.3	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	'Asko'	CR 1469	<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>capitata</i>	'Kashirka 202'	50220-1428
FS 94.3	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	Blütenblattloser Ölrübsen		<i>B. oler. conv. capitata</i> var. <i>capitata</i>	'Kashirka 202'	50220-1428
K 160.1.1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	China Kohl	13444	<i>B. olera. conv. acephala</i>	Futterkohl	HRIGRU 8207
K 199.16.2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>chinensis</i>	Pak Choi	56515	<i>B. oler. conv. botrytis</i> var. <i>botrytis</i>	'Maxima'	BRA 1398

¹GAU = Georg-August-Universität Göttingen, FUB = Freie Universität Berlin, JLU = Justus-Liebig-Universität Gießen

Tab. 2-2: Übersicht über die Abstammung der Resynthesen mit *B. oleracea*-Kulturformen (vergl. GIRKE 2002) (Fortsetzung)

Resynthese		Ausgangselter				
Bezeichnung	Mutter	Sorte / Typ	Akzes-sion	Vater	Sorte / Typ ¹	Akzes-sion
K 199.16.2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>chinensis</i>	Pak Choi	56515	<i>B. oler.</i> conv. <i>botrytis</i> var. <i>botrytis</i>	'Maxima'	BRA 1398
S 108.1.1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	Hoch-Ölsäure Rüb-sen	98-39157	<i>B. oler.</i> conv. <i>botrytis</i> var. <i>alboglabra</i>	'Kailan'	CGN 14044
S 228.8.1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>chinensis</i>	Pak Choi	56515	<i>B. oler.</i> conv. <i>acephala</i>	Futterkohl	HRIGRU 8207
S 237.20.1	<i>B. rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i>	China Kohl	13444	<i>B. oler.</i> conv. <i>botrytis</i> var. <i>botrytis</i>	'Maxima'	BRA 1398
S 45.2.2	<i>B. rapa</i> ssp. <i>oleifera</i>	Hoch-Ölsäure Rüb-sen	98-39188-9	<i>B. oler.</i> conv. <i>botrytis</i> var. <i>italica</i>	Brokkoli	HRIGRU 7518

¹GAU = Georg-August-Universität Göttingen, FUB = Freie Universität Berlin, JLU = Justus-Liebig-Universität Gießen

Neben den 71 Resynthesen wurden außerdem 55 *Brassica napus*-Zuchtformen (Tabelle. 2-3) mit in die AFLP-Analysen einbezogen. Diese Sorten decken ein breites Spektrum des bekannten Zuchtmaterials ab. Es finden sich darunter sowohl aktuellere Winter- und Sommerrapssorten wie ‚Favorite‘ und ‚Siesta‘, die eine 00-Qualität aufweisen, wie auch zum Teil sehr alte Sorten, die in der Regel einen hohen Anteil an Erucasäure und Glucosinolaten im Samen (++ -Qualität) aufweisen, wie z.B. ‚Mansholts Hamburger‘ oder die alte polnische Sommerrapssorte ‚Zachodni‘. Auch die polnische Sommerrapssorte ‚Bronowski‘, auf die der niedrige Samenglucosinolatgehalt der heutigen 00-Sorten zurückzuführen ist, wurde berücksichtigt. Desweiteren beinhaltet das Sortiment Rapssorten aus China und der Türkei sowie Gemüseformen, beispielsweise die ‚Wilhelmsburger Steckerübe‘ oder den Schnittkohl ‚Goldgelber Zarter Butter‘.

Tab. 2-3: Übersicht über die in der AFLP-Analyse untersuchten Rapssorten

Sorte	Akzes-sion (IPK)	Form ¹	Qua-lität	Züchter ²	Land ³	Zulas-sung
Aphid Resistant Rape	CR 167	W,Ge			NZ	
Alesi		W	00	KWS	DE	2004
Billy		W	00	DSV	DE	2005
Campari		W, F	00	NPZ	DE	1996
Digger		W	00	KWS	DE	
Emerald	CR 312	W, F	00	DA	IE	1973

¹W = Winterraps, S = Sommerraps, T= Türkische Sorte, C = Chinesische Sorte, mS = männlich sterile Linie, F = Futterraps, G(K) = Gemüseform (Kohlrübe), G(Sch) = Gemüseform (Schnittkohl); ² siehe Tab. I im Anhang; ³Abkürzung entsprechend der international verwendeten Länderkürzel, ⁴DH-Linie der entsprechenden Sorte

**Tab. 2-3: Übersicht über die in der AFLP-Analyse untersuchten Rapssorten
(Fortsetzung)**

Sorte	Akzes- sion (IPK)	Form ¹	Qua- lität	Züchter ²	Land ³	Zulas- sung
Express 617		W	00	NPZ	DE	1993
Favorite		W	00	DSV	DE	2006
Gießener Höhenraps	CR 579	W	++		DE	
Jet Neuf	CR 662	W	0+	Serasem	FR	1977
Ladoga		W	00	Limagrain	DE	2005
Lembkes Normal		W	++	NPZ	DE	
Mansholt 54 ⁴		W	++		DE	
Mansholts Hamburger	CR 754	W	++	Mansholt	NL	1899
Mosa		W, F	00	Joordens	NL	2001
Nikos		W, F	00	Euro Grass		
Norde	CR 3104	W	++	Svalöv	SE	1968
Oase		W	00	DSV	DE	2004
Samourai 11.4 ⁴		W	00			
Samourai	CR 176	W	00	INRA/Serasem	FE	1989
Sollux	CR 952	W	++	Lüsewitz	DE	1973
Viking		W	00	NPZ	DE	2002
MSL 007		W, mS	00	NPZ	DE	1999
RNX 4621		W, mS	00	Syngenta	DE	2009
Bronowski	CR 270	S	+0	IHAR	PL	~1945
Golden	CR 3141	S	++	AG Cda	CA	1954
Heros		S	00	Raps Gbr	DE	2000
Licosmos		S	00	DSV	DE	1996
Mazowieki	CR3165	S	++	IHAR	PL	~1945
Mlochowski	CR 3117	S	++	IHAR	PL	~1945
Nugget	CR 3133	S	++	AG Cda	CA	1961
Petranova	CR 3231	S	++	Petkus	DE	1963
Regina,	CR 882	S	++	Svalöv	SE	1942
Siesta		S	00	NPZ	DE	2003
Svaloefs Gulle	CR 3283	S	++	Svalöv	SE	1969
Tanka	CR 1011	S	++	U. of Man.	CA	1963
Tira	CR 1016	S	++	Borries	DE	1972
Topas	CR 3086	S	00	Svalöv	SE	1981
Westar	CR 1054	S	00	AG Cda	CA	1982
Zachodni	CR 1170	S	++	ZNRio	PL	~1945
Eskisehir		T			TR	
Turhal		T			TR	
Yenisehir		T			TR	
Ganyu 3		C	++	CAAS	CN	1977
Italy		C	++	HAU	CN	
Linyou 5		C	++	JAAS	CN	
Zhenyou 11		C	++	ZAU	CN	
Xiangyou 11		C	00	HAAS	CN	
87-50182		C	++	WIAS	CN	
Brauner Schnittkohl	BRA 175	G(Sch)			DE	vor 1945
Goldgelber Zarter Butter	BRA 176	G(Sch)			DE	vor 1945
Grüner Schnittkohl	BRA 177	G(Sch)			DE	vor 1945
Mecklenburger Weiße	BRA 1787	G(K)			DE	
MB6-BRS-039		G(Sch)			ES	
Wilhelmsb. Steckrübe		G(K)			DE	

¹W = Winterraps, S = Sommerraps, T= Türkische Sorte, C = Chinesische Sorte, mS = männlich sterile Linie, F = Futterraps, G(K) = Gemüseform (Kohlrübe), G(Sch) = Gemüseform (Schnittkohl); ² siehe Tab. I im Anhang; ³ Abkürzung entsprechend der international verwendeten Länderkürzel, ⁴ DH-Linie der entsprechenden Sorte

Um die Kombinationseignung der mit den *Brassica*-Wildarten erstellten Resynthesen mit angepasstem Rapszuchtmaterials zu prüfen, wurden Testhybriden hergestellt. Hierzu wurden insgesamt 65 Resyntheselinien als Pollenspender ausgewählt. In diesem Sortiment waren, mit Ausnahme der Genotypen ‚HIL 1‘, ‚HIY 2‘, ‚ISY 2‘, ‚MOL 4‘ und ‚MOY 7‘, alle in Tabelle 2-1 aufgeführten Genotypen enthalten. Komplettiert wurde die Auswahl durch die in Tabelle 2-2 aufgeführten klassischen Resynthesen (ohne ‚RS 239‘). Als Tester für die Erstellung der Testhybriden wurden die männlich sterilen Linien ‚MSL 007‘ und ‚RNX 4621‘ verwendet. Die Linie ‚MSL 007‘ stellt eine männlich sterile Variante der Sorte ‚Express‘ dar und wurde von der NPZ zur Verfügung gestellt. Die Linie ‚RNX 4621‘ wurde von Syngenta zur Verfügung gestellt. Beide Linien nutzen Sterilitätssysteme für die, soweit bekannt, alle Rapsgenotypen als Restorer wirken. Die zwei männlich sterilen Linien wurden außerdem in den AFLP-Analysen mit getestet (siehe Tabelle 2-3).

2.1.2 *Brassica*-Wildarten

Im Herbst bzw. Winter 2009/2010 wurden 40 Wildkohl-Akzessionen von zehn verschiedenen Arten aus der näheren *Brassica oleracea*-Verwandtschaft hinsichtlich ihres Blattglucosinolatgehaltes und –musters untersucht. Die Analysen wurden von Julia Rudloff im Rahmen ihrer Bachelorarbeit durchgeführt. Die Untersuchten Akzessionen sind zusammen mit den für die Herstellung der Wild-Resynthesen verwendeten Akzessionen, in Tabelle 2-4 aufgelistet. Zwanzig der in den Glucosinolatanalysen getesteten 40 Akzessionen dienten auch als Elter für die Resyntheseherstellung.

Tab. 2-4: Übersicht über die Herkunft und Nutzung der *Brassica*-Wildarten

Art	Akzession	Quelle ³	ursprüngliche Herkunft	Nutzung ⁴
<i>B. bourgeauii</i> Kuntze	BRA 2998 (= K 9825)	IPK	La Palma, Spanien	RS, GSL
<i>B. cretica</i> Lam.	5971	ESP	Griechenland	RS, GSL
<i>B. cretica</i> Lam. ssp. <i>aegaea</i> (Heldr. & Hal.)	BRA 2997 (= K 9689)	IPK	Kalamaki-Aydin, Türkei	RS, GSL
	6021	ESP	Evia, Griechenland	RS, GSL
	6344	ESP	Limnos, Griechenland	GSL
Snogerup et al.	6346	ESP	Kusadasi-Aydin, Türkei	RS, GSL

¹⁺² Duplikate der selben Akzession; ³ CGN = Centre for Genetic Resources, Wageningen, Niederlande, ESP = Banco de Germoplasma, Universidad Politécnica de Madrid, Spanien, IPK = Genbank des Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Deutschland, GBR = Warwick HRI Genetic Resources Unit, University of Warwick, Großbritannien; ⁴ RS = für Erstellung von Resynthesen, GSL = für Analyse der Blattglucosinolate

Tab. 2-4: Übersicht über die Herkunft und Nutzung der *Brassica*-Wildarten
(Fortsetzung)

Art	Akzession	Quelle ³	ursprüngliche Herkunft	Nutzung ⁴
<i>B. hilarionis</i> G.E.Post	7344	ESP	Kyrenia-Berge, Zypern	RS
	HRIGRU 12483	GBR	Kyrenia-Berge, Zypern	RS
<i>B. incana</i> Ten.	BRA 1166 ¹	IPK	k.A.	GSL
	BRA 1262	IPK	k.A.	GSL
	BRA 2918 (= K 8118)	IPK	Sizilien, Italien	RS
	5974	ESP	Krim, Ukraine	GSL
	6558	ESP	Capri, Italien	GSL
	6560	ESP	Capri, Italien	GSL
	6563	ESP	Sorrento, Italien	RS, GSL
	6564	ESP	Sorrento, Italien	GSL
	6569	ESP	Sizilien, Italien	RS, GSL
	6570	ESP	Sizilien, Italien	RS, GSL
	6572	ESP	Sizilien, Italien	RS, GSL
	HRIGRU 6691	GBR	Sorrento, Italien	GSL
	CGN 18470 ¹	CGN	k.A.	RS, GSL
	<i>B. insularis</i> Moris	1952	ESP	Türkei
BRA 2996 (= K 8934)		IPK	Sardinien, Italien	RS, GSL
BRA 3050 (= K 9321)		IPK	Sardinien, Italien	GSL
BRA 3051 (= K 9338)		IPK	Sardinien, Italien	GSL
7346		ESP	Sardinien, Italien	GSL
7347		ESP	Sardinien, Italien	GSL
7356		ESP	Korsika, Frankreich	RS, GSL
<i>B. macrocarpa</i> Guss.	3819	ESP	Egadische Inseln, Italien	GSL
	6584	ESP	Egadische Inseln, Italien	RS
<i>B. montana</i> Pourr.	BRA 1644 (= K 5457)	IPK	k.A.	GSL
	BRA 2942 (= K 7220)	IPK	k.A.	RS, GSL
	BRA 2946 (= K 8380)	IPK	k.A.	RS
	BRA 2993 (= K 7223)	IPK	k.A.	RS, GSL
	BRA 3047 (= K 6675) ²	IPK	Italien	GSL
	6801	ESP	Toscana, Italien	RS
	6816	ESP	Toulon, Frankreich	RS, GSL
	6835	ESP	Gerona, Spanien	RS
CGN 18472 ²	CGN	Italien	RS, GSL	
<i>B. oleracea</i> L.	6824	ESP	Gran Ville, Frankreich	GSL
	7660	ESP	Spanien	RS, GSL
	7681	ESP	Frankreich	GSL
	7694	ESP	Groß Britannien	GSL
<i>B. oleracea</i> L. ssp. <i>oleracea</i>	BRA 101	IPK	k.A.	RS
	BRA 108	IPK	Gallodoro, Italien	RS
	BRA 258	IPK	k.A.	RS
	BRA 259	IPK	k.A.	RS
	BRA 260	IPK	k.A.	RS
<i>B. rupestris</i> Raf. ssp. <i>hispida</i>	6580	ESP	Sizilien, Italien	RS, GSL
<i>B. taurica</i> Tzelv.	BRA 2947 (= K 9238)	IPK	k.A.	RS, GSL
<i>B. villosa</i> Biv.	3821	ESP	Italien	GSL
	HRIGRU 6848	GBR	Sizilien, Italien	RS, GSL
<i>B. villosa</i> Biv. ssp. <i>bivoniana</i>	6581	ESP	Sizilien, Italien	GSL

¹⁺² Duplikate der selben Akzession; ³ CGN = Centre for Genetic Resources, Wageningen, Niederlande, ESP = Banco de Germoplasma, Universidad Politécnica de Madrid, Spanien, IPK = Genbank des Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Deutschland, GBR = Warwick HRI Genetic Resources Unit, University of Warwick, Großbritannien; ⁴ RS = für Erstellung von Resynthesen, GSL = für Analyse der Blattglucosinolate

2.2 Anzucht der Pflanzen und Probenahme

2.2.1 Resynthesen und Rapssorten für AFLP und Testkreuzungen

Die Anzucht der Rapssorten (Tab. 2-3) und der in den Tabellen 2-1 und 2-2 aufgelisteten Resynthesen erfolgte im Winter 2008/2009 im Gewächshaus. Dazu wurden jeweils sechs Samen von jedem Genotyp in Multitopfplatten in Anzuchterde ausgesät und nach erfolgter Keimung für vier Wochen im Gewächshaus kultiviert (Bedingungen: 16 h Licht bei 18°C tagsüber und 15°C nachts). Nach den vier Wochen wurden für die AFLP-Analysen von jedem Genotyp 100 mg frisches Blattmaterial geerntet und jeweils in ein 1,5 ml Reaktionsgefäß (*Eppendorf*) überführt und in flüssigem Stickstoff bei -196°C tiefgefroren. Bis zur weiteren Aufarbeitung wurden die Proben anschließend bei -20°C in einer Tiefkühltruhe gelagert. Nach der Beprobung wurden die Resynthesejungpflanzen für 8 Wochen in einem Kühlcontainer unter Kurztagbedingungen (10 h Tag, 14 h Nacht) bei 4°C vernalisiert. Nach erfolgter Vernalisation wurden die Pflanzen aus den Multitopfplatten entnommen, in 13 cm Töpfe mit aufbereiteter Komposterde gepflanzt und im Gewächshaus, unter oben genannten Bedingungen, für die Herstellung von Testkreuzungen und zur Samenproduktion für die Feldversuche weiterkultiviert. Parallel zur Anzucht der Pflanzen für die AFLP-Analysen wurden außerdem je 200 Pflanzen der beiden männlich sterilen Tester MSL 007 und RNX 4621 für die Erstellung der Testkreuzungen in der gleichen Weise angezogen.

2.2.2 Wildkohle für Blattglucosinolanalysen

Für die Blattglucosinolanalysen wurden im Sommer 2009 Stecklinge von 40°Wildkohlakzessionen, die als adulte blühfähige Pflanzen vorhanden waren, genommen. Hierzu wurden von jeweils einer Pflanze pro Akzession drei junge Seitentriebe entnommen. Diese wurden an ihrem unteren Ende schräg angeschnitten und anschließend in mit Anzuchterde befüllte Multitopfplatten gesteckt und im Gewächshaus solange kultiviert, bis sie nach ca. 6 Wochen zu kräftigen Jungpflanzen herangewachsen waren. Es folgte eine 11 wöchige Vernalisation unter Kurztagbedingungen (10 h Tag, 14 h Nacht) bei 4°C. Nach erfolgter Vernalisation wurden die Kohlpflanzen in 13 cm Töpfe die mit Komposterde gefüllt wurden gepflanzt und für 14 Tage im Gewächshaus (Bedingungen: 16 h Licht bei 18°C tagsüber und 15°C nachts) weiterkultiviert. Am

14. bzw. 15. Tag nach dem Topfen (die ersten Pflanzen begannen zu schossen) wurden von jeder Akzession zwei Pflanzen beprobt. Die genommenen Blattproben bestanden jeweils aus einem jungen, einem älteren und einem alten stielreifen Blatt. Es wurde darauf geachtet, dass keines der Blätter beschädigt oder vergilbt war. Die entnommenen Blattproben wurden umgehend in einen mit flüssigem Stickstoff befüllten Mörser überführt und dort mit einem Pistill zu einem homogenen Pulver zerrieben. Dieses Pulver wurde unter ständiger Kühlung in ein vorgekühltes Plastikprobenröhrchen mit Schraubdeckel überführt und für einige Tage bei -20°C gelagert. Anschließend wurden die tiefgefrorenen Proben gefriergetrocknet (Gefrier Trocknung *Christ Delta 1A*). Die gefriergetrockneten Proben wurden bei Raumtemperatur unter Lichtausschluss bis zur Weiterverarbeitung aufbewahrt.

2.3 AFLP-Markeranalysen

2.3.1 DNA-Extraktion

Die Extraktion der genomischen DNA erfolgte aus jeweils 100 mg tiefgefrorenem Blattmaterial mit dem Nucleon PhytoPure plant extraction Kit (*GE Healthcare, Illustra™*) unter genauer Beachtung der Gebrauchsanweisung. Die Bestimmung der DNA-Konzentration erfolgte mit dem Fluorescent DNA Quantification Kit (*Bio-Rad Laboratories CA, USA*).

2.3.2 AFLP-Analysen

Die Durchführung der AFLP erfolgte nach dem Protokoll von Vos et al. (1995) mit den bei ECKE et al. (2010) beschriebenen Modifikationen für die Multiplex-PCR. Dabei wurden insgesamt 20 Primerkombinationen verwendet, von denen viele eine hohe Anzahl Polymorphismen erbrachten. Für die Auswertung wurden aufgrund des hohen Polymorphiegrades nur die besten drei Kombinationen (M50/E37, M50/E40 und M50/E42, Tab. 2-5) berücksichtigt.

Restriktion: 250 ng genomischer DNA wurden in einem Gesamtvolumen von 30 µl, bestehend aus 1x Restriktions-Ligationspuffer (RL-Puffer; 10 mM Tris HAc, 10 mM MgAc, 50 mM KAc, 5 mM DTT, pH 7,5) zusammen mit jeweils 4 U der Enzyme EcoRI (*Fermentas*) und MseI (*New England Biolabs*) für 1,5 h bei 37°C verdaut.

Ligation: Zu den 30 µl Restriktionsprodukt wurden 10 µl eines Ligationsmixes hinzugegeben. Dieser bestand aus 1x RL-Puffer mit 5 pmol EcoRI-Adapter, 50 pmol MseI-Adapter (siehe Tab. 2-5), 1 mM ATP und 1 U T4-DNA-Ligase (*Promega*). Die Ligation erfolgte nach folgendem Programm: 3 h 10 min bei 37°C gefolgt von 33,5°C für 3 min, 26°C für 4 min und 22°C für 15 min.

Tab. 2-5: Übersicht über die in den AFLP-Analysen verwendeten Primer

Primer	Name	Sequenz
Adapter Paare (Eurofins MWG Operon)		
EcoRI	EA 1	5'-CTCGTA GAC TGC GTA CC-3'
	EA 2	5'-AAT TGG TAC GCA GTC-3'
MseI	MA1	5'-GAC GAT GAG TCC TGA G-3'
	MA2	5'-TAC TCA GGA CTC AT-3'
selektive Primer (Eurofins MWG Operon)		
EcoRI+A	E01	5'-CTG CGT ACC AAT TCA-3'
MseI+C	M02	5'-GAT GAG TCC TGA GTA AAC-3'
MseI+3-Primer (Eurofins MWG Operon)		
MseI+CAT	M50	5'-GAT GAG TCC TGA GTA ACA T-3'
EcoRI+3-Primer, fluoreszenzmarkiert (Applied Biosystems)		
EcoRI+ACG, markiert mit PET TM (rot)	E37	5'- CTG CGT ACC AAT TCA CG-3'
EcoRI+AGC, markiert mit 6-Fam TM (blau)	E40	5'- CTG CGT ACC AAT TCA GC-3'
EcoRI+AGT, markiert mit NED TM (gelb)	E42	5'- CTG CGT ACC AAT TCA GT-3'

Präamplifikation: Für die Präamplifikation wurde das Restriktions-Ligationsprodukt 1:5 mit HPLC-H₂O verdünnt. 8 µl dieser Verdünnung wurden zu 12 µl des Präamplifikationsmixes, bestehend aus 1x PCR-Puffer (10 mM Tris-HCL, 50 mM KCL, pH 8), 3,125 mM MgCl₂, 0,45 mM dNTPs, 10 pmol EcoRI+1 Primer, 9 pmol MseI+1 Primer (Tab. 2-5), und 2,5 U Taq DNA-Polymerase (*FIREpol, Solis Biodyne*) gegeben, so dass ein Gesamtvolumen von 30 µl entsteht. Die PCR-Reaktion wurde in einem Biometra T1 Thermocycler (*Biometra GmbH*) durchgeführt. Das verwendete PCR-Programm geht aus Tabelle 2-6 hervor.

Tab. 2-6: PCR-Programm für die Präamplifikation

Schritt	Temperatur	Zeit	Wiederholungen
Start	94°C	30 s	
Denaturierung	94°C	30 s	
Annealing	56°C	30 s	20 Zyklen
Elongation	72°C	1 min	
Ende	72°C	5 min	
Aufbewahrung	4°C	∞	

Hauptamplifikation: Für die Hauptamplifikation wurden EcoRI-Primer und MseI-Primer mit jeweils 3 selektiven Basen (Tab. 2-5) verwendet. Insgesamt wurden 20 verschiedene Primerkombinationen gescreent, von denen letztlich drei Kombinationen (M50/E37, M50/E40 und M50/E42, siehe Tab. 2-5) für die Analysen genutzt wurden. Die PCR-Reaktion fand in einem Gesamtvolumen von 20 µl, bestehend aus 6 µl des mit HPLC-Wasser 1:10 verdünnten Präamplifikationsproduktes und 14 µl des Hauptamplifikationsmixes statt. Der Hauptamplifikationsmix bestand aus 1x PCR-Puffer (10 mM Tris-HCL, 50 mM KCL, pH 8), 3,125 mM MgCl₂, 0,36 mM dNTPs, 8 pmol des MseI-Primers M50, 2 pmol des mit dem Fluoreszenzfarbstoff PETTM markierten EcoRI+3 Primers E37, 4 pmol des mit dem Fluoreszenzfarbstoff 6-FamTM markierten EcoRI+3 Primers E40 und 2 pmol des mit dem Fluoreszenzfarbstoff NEDTM markierten EcoRI+3 Primers E42 sowie 1U Taq DNA-Polymerase (*FIREpol, Solis Biodyne*). Das verwendete PCR-Programm ist in Tabelle 2-7 beschrieben.

Detektion: Die Auftrennung und Detektion der AFLP-Fragmente erfolgte mit einem ABI PRISM 3130 Genetic Analyser (*ABI*) mit einem 36 cm Kapillar-Array. Als Größenstandard wurde GeneScan-500 LIZ (*Applied Biosystems*) verwendet. Das Maker Scoring erfolgte als halbautomatisches Scoring mit dem Programm GeneMapper v.4.0 (*Applied Biosystems*). Vorhandene Fragmente wurden mit 1, nicht vorhandene mit 0 gekennzeichnet.

Tab 2-7: PCR-Programm für die Hauptamplifikation

Schritt	Temp.	Zeit	Temp	Zeit	Temp	Zeit	Wiederholungen
Denaturierung	94°C	30 s					
High to Low Temp.	94°C	30 s	65,0°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	64,3°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	63,6°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	62,9°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	62,2°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	61,5°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	60,8°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	60,1°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	59,4°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	58,7°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	58,0°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	57,3°C	30 s	72°C	1 min	
	94°C	30 s	56,6°C	30 s	72°C	1 min	
Denaturierung	94°C	30 s					
Annealing	56°C	30 s					25 Zyklen
Elongation	72° C	1 min					
Ende	72°C	5 min					
Aufbewahrung	4°C	∞					

2.3.3 Auswertung der AFLP-Daten

Für die statistische Auswertung wurden die Daten in eine 0-1 Matrix umgewandelt, dabei wurden nur polymorphe Marker berücksichtigt. Die genetische Ähnlichkeit (GA) aller möglichen Paarvergleiche wurde, wie für dominante Marker empfohlen (LINK et al. 1995), nach dem Jaccard-Koeffizienten (JACCARD 1908) berechnet:

$$GA_{Jaccard} = \frac{n_{ij}}{(n_i + n_j + n_{ij})}$$

dabei entspricht:

- n_i der Anzahl der Banden die nur bei Genotyp i vorhanden sind
- n_j der Anzahl der Banden die nur bei Genotyp j vorhanden sind
- n_{ij} der Anzahl der Banden die sowohl bei Genotyp i wie auch bei Genotyp j vorhanden sind

Die genetischen Distanzen (GD) wurden aus den genetischen Ähnlichkeiten (GA) wie folgt errechnet:

$$GD_{Jaccard} = 1 - GA_{Jaccard}$$

Die graphische Darstellung der Ergebnisse als Dendrogramm basiert auf der UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) -Clusteranalyse. Zur Überprüfung des gefundenen Dendrogramms wurde die cophenetische Korrelation nach SNEATH & SOKAL (1973) berechnet. Weiterhin wurde für die gefundenen genetischen Ähnlichkeitswerte eine Hauptkoordinatenanalyse (BACKHAUS ET AL. 1990) durchgeführt. Die Ergebnisse dieser Hauptkoordinatenanalyse werden als Plot der ersten drei Hauptkoordinaten dargestellt.

Alle statistischen Analysen wurden mit den Softwareprogrammen FreeTree (HAMPL et al. 2001) und NTSYSpc 2.1 (*Exeter Software*, ROHLF 2000) durchgeführt. Die Darstellung und die graphische Aufarbeitung des Dendrogramms erfolgten mit dem Programm TreeView (PAGE, 1996). Die statistische Absicherung der mit der UPGMA-Clusterung gefundenen Cluster erfolgte mit der Bootstrap-Analyse nach FELSENSTEIN (1985). Nach HILLIS & BULL (1993) können Äste im Dendrogramm die im Bootstrap einen Wert größer 70 % erhalten, als statistisch gut abgesichert gelten.

2.4 Feldversuche

2.4.1 Erstellung von Testkreuzungen

Die Erstellung von Testkreuzungen erfolgte im Versuchsjahr 2008/2009 in Isolierkabinen bei den Zuchtfirmen NPZ und Syngenta sowie in kleinem Umfang im Gewächshaus der Abteilung Pflanzenzüchtung der Universität Göttingen. Dabei wurden die Testkreuzungen mit dem Tester MSL 007 bei der NPZ in Malchow und die mit dem Tester RNX 4621 bei Syngenta in Biemsen erstellt. Im Gewächshaus in Göttingen wurden Testkreuzungen mit beiden Testern hergestellt.

Bei den Züchtern wurden die Tester für die Testkreuzungen zur Aussaat 2008 in jeweils zwei Doppelreihen ausgesät, während die für die Kreuzungen vorgesehenen 65 Resyntheselinien (siehe 2.1.1 *Brassica napus* L. – Resynthesen und Zuchtmaterial) im Winter 2008/2009 im Gewächshaus angezogen und, nach erfolgter achtwöchiger Vernalisation, im März 2009 zwischen den entsprechenden Testern ausgepflanzt wurden. Um Fremdbestäubungen zu vermeiden wurde zu Blühbeginn über jeder Kreuzungspazelle (bestehend aus vier Reihen des männlich sterilen Testers und den dazwischen gepflanzten Resynthesen) ein engmaschiges Gazezelt aufgebaut. Um den Bestäubungserfolg innerhalb der Zelte zu erhöhen, wurden bei der NPZ Rote Mauerbienen und bei Syngenta Fliegen als Bestäuber eingesetzt. Im Gewächshaus in Göttingen wurden für jede vorgesehene Testkreuzung jeweils drei Pflanzen pro Resynthese-Genotyp mit drei Pflanzen des jeweiligen Testers zusammengestellt. Bei Blühbeginn wurde dann, um unerwünschte Fremdbestäubungen zu vermeiden, jeweils eine Resynthese-Pflanze zusammen mit einer Tester-Pflanze mit einer Crispack-Tüte überzogen. In regelmäßigen Abständen wurden die Tüten geschüttelt um den Bestäubungserfolg zu erhöhen. In einigen wenigen Fällen wurden auch Handkreuzungen durchgeführt.

2.4.2 Leistungsprüfungen der Testhybriden

Die Leistungsprüfungen der Testhybriden erfolgten während der Anbauperiode 2009/2010 an insgesamt neun Standorten (siehe Tab. 2-8) von denen zwei außerhalb Deutschlands in wintermilderer Regionen lagen. Diese Standorte waren Ressons sur Matz (nördlich von Paris) und Impington in der Nähe von Cambridge in Großbritannien. Bei der NPZ in Hohenlieth gab es zwei

Leistungsprüfungsorte, von denen einer im Herbst 2009 mit dem Fungizid Folicur® (*Bayer CropScience GmbH*) behandelt wurde, um die Winterfestigkeit zu erhöhen.

Tab. 2-8: Übersicht über die Versuchsstandorte

	Züchter	Standort	LP ¹ Testhybriden	BA ² Testhybriden	BA ² Resynthesen
I.	DSV	Thüle	x	x	x
II.	Uni-Gö	Reinshof	x	x	x
III.	KWS	Einbeck	x	x	x
IV.	KWS (UK)	Thriplow	x	x	x
V.	Limagrain	Rosenthal	x	x	x
VI.	NPZ (1+2)³	Hohenlieth	x	-	-
VII.	NPZ (3)	Groß Lüsewitz	-	x	x
VIII.	NPZ (UK)	Impington	-	x	x
IX.	Syngenta	Biemsen	x	x	x
X.	Syngenta (F)	Ressons sur Matz	x	-	-

¹LP = Leistungsprüfungen, ²BA = Beobachtungsanbau, ³(1+2) = am Standort NPZ Hohenlieth gab es zwei Leistungsprüfungen

Der Versuch wurde an allen Orten randomisiert und ohne Wiederholung angelegt. Insgesamt konnten 42 Prüfglieder (39 Testhybriden plus 3 Standards) an allen neun Standorten angebaut werden; 25 weitere Testhybriden konnten, aufgrund geringerer vorhandener Saatgutmengen, nur an vier Orten (Einbeck, Hohenlieth 1, Reinshof, und Resson sur Matz) ausgesät werden, so dass an diesen Standorten insgesamt 67 Prüfglieder (64 Testhybriden plus 3 Standards) geprüft werden konnten. Als Standards für die Leistungsprüfungen dienten die Hybridsorte ‚Visby‘ (NPZ, Zulassungsjahr 2007, Qualität: 00), die fertile Form des Testers MSL 007 (Tab. 2-3) sowie eine als ‚Tester Syngenta‘ bezeichnete Mischung aus 70% der männlich sterilen RNX 4621 (Tab. 2-3) und 30% der zur Rückkreuzung verwendeten fertilen Sorte, die als Bestäuber zugesetzt wurde. Die Eigenschaften der einzelnen Versuchsstandorte lassen sich aus Tab. 2-9 entnehmen.

Tab 2-9 : Eigenschaften der einzelnen Versuchsstandorte

Eigenschaft	I DSV	II Uni- Gö	III KWS	IV KWS UK	V Lim	VI NPZ (1+2) ²	VII NPZ (3)	VIII NPZ UK	IX Syn	X Syn F
Höhe über NN [m]	100	150	120	30	70	30	-	20	139	83
langjähriges Temp.-Mittel [C°]	8,4	8,7	8,8	10,5	-	8,8	-	10,5	8,6	10,8
Ø Temp. [C°] 2009/2010	8,2	8,7	8,6	10,5	-	8,6	-	10,5	8,5	10,7
langjähriges NS-Mittel [mm]	850	645	681	593	-	809	-	593	852	662
Ø NS [mm] 2009/2010	870	652	630	599	-	891	-	599	798	598
Parzellengröße [m ²]	15,00	11,25	18,00	17,28	16,25	12,80	-	-	15,00	13,50
Aussaatstärke [Samen/m ²]	55	80	55	83	55	-	-	-	50	40
Reihenabstand [cm]	22,0	20,0	21	24,0	25	-	-	-	30,0	37,5
Bodenart ¹	sL	L	L	kL	sL	sL	-	kL	sL	kL

¹L = Lehm, sL = sandiger Lehm, kL = kalkiger Lehm; ²(1+2) = am Standort NPZ Hohenlieth gab es zwei Leistungsprüfungen

2.4.3 Beobachtungsanbau der Testhybriden

Neben den Leistungsprüfungen der Testhybriden fand außerdem ein Beobachtungsanbau der Testhybriden statt. Dieser wurde zur Aussaat im August 2009 an insgesamt acht Standorten (siehe Tab. 2-8) angelegt, von denen später aber zwei Standorte (Groß Lüsewitz, NPZ und Thriplow, KWS UK) ausfielen, so dass nur sechs Standorte in die Versuchsauswertung eingingen. Der Versuch wurde an allen Standorten als randomisierter Blockanlage mit zwei Wiederholungen angelegt. Ausnahmen bildeten die Orte Thüle (DSV) und Rosenthal (Limagrain) an denen der Versuch ohne Wiederholungen durchgeführt wurde. Die Aussaat der Genotypen erfolgte als Doppelreihe in Kleinparzellen. Pro Wiederholung wurden in der Regel 100 Korn in zwei Reihen angesät. An den Orten Biensen (Syngenta), Rosenthal (Limagrain) und Thüle (DSV) wurden pro Genotyp und Wiederholung 200 Korn in vier Reihen ausgesät.

Insgesamt konnten 70 Prüfglieder (67 Testhybriden plus 3 Standards) an allen sechs verbliebenen Standorten geprüft werden; 27 weitere konnten aufgrund geringer Saatgutmengen zum Aussattermin nur an vier der sechs Standorte (Biensen, Syngenta; Einbeck, KWS; Impington (NPZ UK) und Reinshof, Uni-Gö) angebaut werden. An den Standorten Einbeck und Reinshof konnten zusätzlich 8

weitere Testhybriden getestet werden. Als Standards wurden die gleichen drei Sorten wie bei den Leistungsprüfungen verwendet.

2.4.4 Beobachtungsanbau der Resynthesen

Der Beobachtungsanbau der Resynthesen wurde an den gleichen acht Orten (siehe Tabelle 2-8) wie der Beobachtungsanbau der Testhybriden angelegt. Auch hier fielen die Standorte Groß Lüsewitz (NPZ) und Thriplow (KWS UK) aus. Das Versuchsdesign entsprach dem für den Beobachtungsanbau der Testhybriden beschriebenen.

Insgesamt konnten 48 Prüfglieder (38 Resynthesen + 10 Standards) an allen sechs verbliebenen Standorten geprüft werden, 32 weitere konnten, aufgrund geringer Saatgutmengen nur am Standort Reinshof (Uni-Gö) angebaut werden. Als Standards dienten die fertile Form des Testers MSL 007 (NPZ), eine als ‚Tester Syngenta‘ bezeichnete Mischung aus 70% der männlich sterilen RNX 4621 und 30% der zur Rückkreuzung verwendeten fertilen Sorte sowie die Winterraps-Liniensorten ‚Alesi‘ (KWS, 2004), ‚Favorite‘ (DSV, 2006), ‚Ladoga‘ (Limagrain, 2005), ‚Lorenz‘ (NPZ, 2005), ‚Oase‘ (DSV, 2004) und die Winterraps-Hybridsorten ‚Elektra‘ (RAPS GbR, 2002), ‚Trabant‘ (NPZ, 2004) und ‚Visby‘ (NPZ, 2007).

2.4.5 Merkmalerfassung

Folgende Merkmale wurden während der Vegetationsperiode 2009/2010 in den Feldversuchen bonitiert:

Entwicklung vor Winter (VW)	Boniturnote 1 = schlecht, 9 = gut
Entwicklung nach Winter (NW)	Boniturnote 1 = schlecht, 9 = gut
Blühbeginn (BB)	als Tag im Jahr
Wuchshöhe (Höhe)	in cm, gemessen nach Blühende in der Parzellenmitte
Lager	nur für die Leistungsprüfungen, Boniturnote 1 = gut, 9 = schlecht

Zur Ernte wurde für die Leistungsprüfungen außerdem der Kornertag durch Mähdruschernte erfasst. Die Angabe der ermittelten Werte erfolgt in Dezitonnen pro Hektar [dt/ha] bei 91% Trockenmasseanteil. Weiterhin wurde für alle

Feldversuche nach der Ernte das Tausendkorngewicht (TKG) ermittelt. Die Angabe erfolgt in Gramm [g].

Die Boniturnoten für „Entwicklung vor Winter“ (VW) und „Entwicklung nach Winter“ (NW) wurden selber nicht in die Auswertungen aufgenommen, aus Ihnen wurde aber das Merkmal Winterfestigkeit (WF) als Differenz errechnet.

Umso kleiner die errechnete Zahl für die Winterfestigkeit ausfällt, desto winterfester ist der entsprechende Genotyp.

2.5 Analysen der Inhaltsstoffe

2.5.1 Probenaufarbeitung

Für die Qualitätsanalysen der Samen wurden ausschließlich Mischproben verwendet. Hierzu wurden im Juli 2010 von jedem Prüfglied der Beobachtungsanbauten der Resynthesen und der Testhybriden zehn offen abgeblühte Haupttriebe pro Prüfglied geerntet. Diese wurden gedroschen, und das gewonnene Saatgut gereinigt und für die NIR-Spektroskopie für einen Tag bei 40°C im Trockenschrank getrocknet. Die Parzellen der Leistungsprüfungen wurden mit Parzellenmähdreschern beerntet. Auch hier wurden Saatgutproben für die NIRS gezogen.

Für die Bestimmung der Glucosinolat- und Fettsäuremuster mittels HPLC (high performance liquid chromatography) bzw. GC (Gaschromatographie) wurde jeweils 1 g Samenmaterial mit einer Ika®-Mühle feingemahlen. Das entstandene Rapsmehl wurde anschließend in Schnappdeckelgläschen gefüllt und bis zur weiteren Verwendung unter Ausschluss von Licht bei Raumtemperatur gelagert.

2.5.2 Nahinfrarotspektroskopie (NIRS)

Der größte Teil der Qualitätsanalytik erfolgte mittels NIRS-Messung (REINHARD 1992) auf einem NIRS 6500-Gerät (*Foss GmbH*). Dabei wurde zur Bestimmung von Öl-, Protein-, Glucosinolat-, Linolensäure- und Erucasäure-Gehalt die von der VDLUFA herausgegebene Kalibrierung für 2010 verwendet. Zur Bestimmung des Gesamtphytosterolgehaltes sowie der Anteile der einzelnen Phytosterole (Avenasterol, Brassicasterol, Campesterol, Sitosterol, Stigmasterol) wurde die von AMAR et al. (2009) entwickelte Kalibrierung verwendet. Die Gehalte der Sinapoylverbindungen im Samen wurden unter Nutzung der von ZUM FELDE et al.

(2007) entwickelte Kalibrierung ermittelt. Eine Übersicht über alle mit NIRS ermittelten Merkmale findet sich in Tab. 2-10.

Tab. 2-10: Übersicht über die mit NIRS ermittelten Merkmale und die Einheiten in denen sie angegeben werden

Merkmal	Einheit
Ölgehalt	in % bei einen Trockenmasseanteil von 91 %
Linolensäure (C 18:3)	in % des Gesamtfettsäuregehalts
Erucasäure (C 22:1)	in % des Gesamtfettsäuregehalts
Proteingehalt	in % bei einen Trockenmasseanteil von 91 %
Glucosinolatgehalt	µmol/g bei einen Trockenmasseanteil von 91 %
Avenasterol	mg/kg Samen
Brassicasterol	mg/kg Samen
Campesterol	mg/kg Samen
Sitosterol	mg/kg Samen
Stigmasterol	mg/kg Samen
Gesamphytosterolgehalt	mg/kg Samen
Sinapin	mg/g
Sinapoylglucose	mg/g
andere Sinapinsäureester	mg/g (berechnet als Sinapinsäureäquivalente)
Gesamtsinapinsäuregehalt	mg/g (berechnet als Sinapinsäureäquivalente)

2.5.3 Gaschromatographie (GC) zur Bestimmung der Fettsäuremuster

Vor der Erstellung der Testhybriden wurde das Fettsäuremuster der für die Testkreuzungen vorgesehenen Resynthesen (siehe Tab. 2-1 und 2-2) mittels Einzelkorn-GC überprüft. Hierzu wurde je ein Samenkorn von jedem Genotyp in eine Vertiefung einer 96 Well Mikrotiterplatte (*Greiner*) gelegt und unter Zugabe von 50 µl Iso-Oktan:Iso-Propanol (9:1, v:v) mit einem Metallkamm zermahlen. Nach abdampfen des Lösungsmittels bei Raumtemperatur wurden 100 µl Natrium-Methylat (0,5 mol/l MeOH) hinzugegeben. Es folgte eine 20 minütigen Inkubationszeit. Danach wurden zu jeder Probe 150 µl Iso-Oktan pipettiert. Nach einer 20 minütigen Extraktionszeit wurde die fettsäuremethylesterhaltige Iso-Oktanfraktion in Probengläschen (Septum-Vials) für den Autosampler der GC überführt.

Weiterhin wurde, zusätzlich zur Ölgehalts- und Fettsäurebestimmung der Ernteproben aus den Feldversuchen mittels NIRS, für die Samenproben aus dem

Beobachtungsanbau der Testkreuzungen in Göttingen sowie für den Beobachtungsanbau der Resynthesen in Impington (UK) eine gaschromatographische Analyse der Fettsäuremuster durchgeführt. Für Genotypen von denen für diese Standorte keine Samenproben vorhanden waren, wurden im Fall der Testkreuzungen Samenproben vom Standort Einbeck, im Fall der Resynthesen Samenproben vom Standort Göttingen analysiert.

Die Proben wurden für die Analysen wie folgt aufgearbeitet:

200 mg feingemahlener Rapsamen wurden in ein 3 ml Probenröhrchen eingewogen. Anschließend wurde 1 ml Natrium-Methylat (0,5 mol/l MeOH) hinzugegeben und gut mit dem Rapsmehl vermischt. Es folgte eine 20 minütige Inkubation, wobei die Proben nach 10 min erneut aufgeschüttelt wurden. Danach wurden jeder Probe 500 µl Iso-Oktan sowie 200 µl 5%ige NaHSO₄-Lösung hinzugegeben und das Ganze für 3 min auf dem Schüttler geschüttelt. Es folgte eine kurze Zentrifugation. Anschließend wurden 450 µl der Iso-Oktanfraktion in ein Septum-Vial überführt. Die gaschromatographische Analyse aller Proben erfolgte mit einem Perkin-Elmer 8600 Gaschromatographen unter folgenden technischen Bedingungen: 25 m x 0,25 mm Säule I.D. FFAP (*Machery - Nagel*), 0,25 µm Filmdicke; Säulentemperatur 210°C; Split 1:70; Trägergas: Wasserstoff, Druck 120 kPa, Injektor- und Detektortemperatur 230°C; FID (Flammenionisationsdetektor).

2.5.4 HPLC (high performance liquid chromatography) zur Bestimmung der Glucosinolatgehalte und der Glucosinolatmuster

Neben der NIRS-Bestimmung der Gesamtglucosinolatgehalte der Samenproben aus den Feldversuchen, erfolgte für die Samenproben aus dem Beobachtungsanbau der Testkreuzungen in Göttingen sowie für den Beobachtungsanbau der Resynthesen in Impington (UK) zusätzlich eine Bestimmung der Gesamtglucosinolatgehalte sowie der Glucosinolatmuster mittels HPLC. Für Genotypen für die von diesen Standorten keine Samenproben vorhanden waren, wurden im Fall der Testkreuzungen Samenproben vom Standort Einbeck, im Fall der Resynthesen Samenproben vom Standort Göttingen analysiert. Desweiteren wurden im Rahmen der Bachelorarbeit von Julia Rudloff die Blattglucosinolatgehalte und die Blattglucosinolatmuster einer Reihe verschiedener *Brassica*-Wildarten (siehe Tab. 2-4) unter Nutzung der HPLC analysiert. Dazu wurden die Proben wie folgt aufgearbeitet:

Jeweils 200 mg feingemahlener Samen bzw. feingemahlenes und gefriergetrocknetes Blattmaterial wurden in ein 13 ml Probenröhrchen (100 x 16 mm, PP) eingewogen. Dann wurden die Probenröhrchen in ein auf 75°C erwärmtes Wasserbad überführt und dort für eine Minute erhitzt. Anschließend wurden die Proben mit je 3 ml 70%igem Methanol (*Roth*) und 200 µl des internen Standards Glucotropaeolin (Glucotropaeolin TMA-Salz, isoliert aus *Lepidium sativum*) versetzt und gründlich gemischt. Es folgte eine zehnmünütige Extraktion bei 75°C im Wasserbad, wobei die Proben mehrfach aufgeschüttelt wurden. Im Anschluss daran wurden die Proben für fünf Minuten bei 2400 g zentrifugiert (Varifuge F, *Heraeus Sepatech*). Der Überstand wurde jeweils in ein 5 ml Reagenzröhrchen (70 x 12 mm, PP) dekantiert und die Pellets mit je 2 ml 10%igem Methanol aufgeschüttelt und für weitere 10 min bei 75°C im Wasserbad inkubiert. Nach erneuter fünf minütiger Zentrifugation bei 2400 g wurden die erhaltenen Überstände vereinigt und durch Schütteln gemischt. Die Pellets wurden verworfen. Je 500 µl der erhaltenen glucosinolathaltigen Lösung wurden auf eine 20 mg DEAE-Sephadex®A-25-Säule (*Pharmacia*) gegeben und mit 2 x 1 ml entionisiertem H₂O auf die Säule gespült. Anschließend wurden 100 µl einer 1:2,5 verdünnten Sulfatase-Stammlösung (0,33%ige Lösung von Sulfatase Typ H1 aus *Helix pomatia*; *Sigma*®) hinzugegeben und die Proben für 16 h bei 39°C in einem Trockenschrank (*Memmert*) inkubiert. Die desulfatisierten Glucosinolate wurden mit je 3 x 500 µl HPLC-Wasser von den Säulen eluiert und der Durchfluss in 5 ml Probenröhrchen aufgefangen. Je Probe wurden 700 µl dieses Eluats in ein 0,8 ml HPLC-Vial mit Deckel (*Gilson*) pipettiert. Die Auftrennung der so aufgereinigten Glucosinolate erfolgte mittels Gradienten HPLC und anschließender UV-Detektion. Als Eluenten wurden Acetonitril (*AppliChem*) und HPLC-Wasser verwendet.

Die HPLC-Analytik wurde unter folgenden technischen Bedingungen durchgeführt: Gradient: 0 - 19 min = 1 - 19% Acetonitril in Wasser, 19 - 22 min 19% - 1% Acetonitril in Wasser, 22 - 30 min equalibrien der Säule; Fließgeschwindigkeit: 0,6 ml/min. (Gradientenpumpe *Teclab* LCP 4100); Autosampler: *Waters* 717 plus; Säule: 125 x 3 mm NUCLEODUR 100-3 C18 ec (*Machery-Nagel*) ; Säulenofen K4, *Teclab* 35° C; Detektionswellenlänge: $\lambda = 229$ nm (UV-VIS Detector L4250 *Merck Hitachi*) Integrator: C-R 3A, *Shimadzu*.

Die Benennung der bei den Analysen nachgewiesenen Glucosinolate erfolgt, wie in Tabelle 2-11 dargestellt.

Tab. 2-11: Abkürzungen der Glucosinolate und ihre Bedeutung

Abkürzung	Trivialname	Seitenkette (chemischer Rest)
IBE	Gluciberin	3-Methylsulfinylpropyl
PRO	Progoitrin	2-Hydroxy-3-butenyl
SIN	Sinigrin	2-Propenyl
GNL	Gluconapoleiferin	2-Hydroxy-4-Pentenyl
RAA	Glucoraphanin	4-Methylsulfinylbutyl
RAE	Glucoraphenin	4-Methylsulfinyl-3-butenyl
GNA	Gluconapin	3-Butenyl
4OH	4-Hydroxiglucobrassicin	4-OH-3-indolylmethyl
GBN	Glucobrassicinapin	4-Pentenyl
GBC	Glucobrassicin	3-Indolylmethyl
NAS	Gluconasturtiin	2-Phenethyl, 2-Phenylethyl
4ME	4-Methoxyglucobrassicin	4-Methoxy-3-indolylmethyl
NEO	Neoglucobrassicin	1-Methoxy-3-indolylmethyl

2.6 Statistische Auswertung

Die statistische Auswertung der in den Feldversuchen und bei den Inhaltstoffanalysen ermittelten Daten erfolgte mit dem Softwareprogramm PLABSTAT (Utz 2007). Bei Versuchen, die an den einzelnen Versuchsorten ohne Wiederholung angelegt wurden, wurde folgendes Modell für die Analyse der Varianz (ANOVA) genutzt:

$$x_{ij} = \mu + g_i + l_j + gl_{ij}$$

dabei entspricht:

- x_{ij} dem Merkmalswert des Genotyps i am Standort j
- μ dem Versuchsmittelwert
- g_i dem Effekt des i -ten Genotyps
- l_j dem Effekt des j -ten Ortes
- gl_{ij} der Interaktion zwischen dem i -ten Genotyp und dem Ort j

Die Genotypen wurden bei den Analysen als fixiert angesehen, wohingegen die Orte als zufällige Faktoren in die Analysen einfließen. Der Versuchsfehler ϵ ist bei Analysen von einjährigen Versuchen ohne Wiederholungen in der Interaktion von Genotypen und Orten gl_{ij} enthalten.

Bei Versuchen die an einzelnen Standorten mit Wiederholung und an anderen ohne Wiederholungen durchgeführt wurden, wurde zuerst für jeden Ort mit Wiederholung einzeln eine Varianzanalyse mit folgendem Modell durchgeführt:

$$x_{ij} = \mu + g_i + w_j + gw_{ij}$$

dabei entspricht:

- x_{ij} dem Merkmalswert des Genotyps i am Standort j
- μ dem Versuchsmittelwert,
- g_i dem Effekt des i -ten Genotyps
- w_j dem Effekt der j -ten Wiederholung
- gw_{ij} der Interaktion zwischen dem i -ten Genotyp und der Wiederholung j

Die Genotypen wurden auch in diesem Fall bei den Analysen als fixiert angesehen, die Wiederholungen hingegen wurden als zufällige Faktoren angesehen.

Die bei der ANOVA berechneten Mittelwerte der Genotypen für die einzelnen Merkmale an den einzelnen Orten wurden anschließend genutzt um eine Varianzanalyse über alle Versuchsorte zu rechnen. Diese entsprach dem oben beschriebenen Modell für Versuche ohne Wiederholungen. Der Versuchsfehler ϵ für die Gesamt-ANOVA wurde aus den Einzel-Varianzanalysen der Orte mit Wiederholung geschätzt.

Korrelationen zwischen den verschiedenen Merkmalen wurden als Pearson Korrelationen berechnet. Ihre Berechnung erfolgte mit PLABSTAT (UTZ 2007).

3 Ergebnisse

3.1 AFLP-Markeranalysen

Die AFLP-Analysen wurden mit Proben von 126 verschiedenen Rapsgenotypen durchgeführt. Dabei wurden drei Primerkombinationen (M50/E37, M50/E40 und M50/E42) genutzt. Bei der Auswertung dieser drei Primerkombinationen konnten insgesamt 471 polymorphe Banden identifiziert werden, welche anschließend zur Bestimmung der genetischen Distanzen verwendet wurden.

3.1.1 Genetische Distanzen

Die aus insgesamt 15.750 Paarvergleichen errechnete mittlere genetische Distanz (GD) über alle untersuchten Genotypen beträgt 0,54. Dabei ist eine Spannweite der GD zwischen den einzelnen Genotypen von 0,09 bis 0,81 zu beobachten (Tab. 3-1). Der kleinste Wert (0,09) liegt innerhalb der Materialgruppe der klassischen Resynthesen (Resynthesen, die mit *B. oleracea*-Kulturformen erstellt wurden) zwischen den Genotypen ‚J 166‘ und ‚J 400‘. Der größte Wert ist zwischen der Gruppe der klassischen Resynthesen und der Gruppe der Wild-Resynthesen (Resynthesen, die das C-Genom einer *Brassica*-Wildart/Wildform tragen) zu beobachten. Er findet sich zwischen den Genotypen ‚FS 94.3‘ und ‚MOY 2‘.

Die geringsten mittleren genetischen Distanzen sind innerhalb des Zuchtmaterials zu beobachten (Tab. 3-1). So beträgt die GD innerhalb des Winterrapses im Mittel 0,29 und innerhalb des Sommerrapses 0,28. Die Variation reicht im Winterraps von 0,12 zwischen den Sorten ‚Billy‘ und ‚Oase‘ bis 0,42 zwischen der Sorte ‚Campari‘ und der DH-Linie ‚Mansholt 54‘. Ähnlich sieht es beim Sommerraps aus. Die Variation liegt hier zwischen 0,19 für die Sorten ‚Golden‘ und ‚Licosmos‘ und 0,44 zwischen den Sorten ‚Bronowski‘ und ‚Zachodni‘. Innerhalb der chinesischen Sorten liegt der mittlere GD-Wert bei 0,37 mit einer Spannweite von 0,29 (zwischen ‚Italy‘ und ‚Xiangyou 11‘) bis 0,43 (zwischen ‚Linyou 5‘ und ‚Ganyu 3‘). Bei den Gemüseformen reicht die Spanne von 0,23 zwischen den beiden Schnittkohlen ‚Brauner Schnittkohl‘ und ‚Goldgelber Zarter Butter‘ und 0,50 zwischen dem ‚Grünen Schnittkohl‘ und der ‚Wilhelmsburger Steckrübe‘. Die mittlere GD liegt hier bei 0,41.

Die beobachtete mittlere GD zwischen den verschiedenen Materialgruppen fällt in der Regel höher aus, als die innerhalb der Gruppen.

Tab. 3-1: Mittlere genetische Distanz und Spannweite der genetischen Distanz innerhalb und zwischen den verschiedenen Materialgruppen

Material	n¹	MW	Min	Max
Winterraps x Winterraps	506	0,29	0,12	0,42
Winterraps x Sommerraps	437	0,37	0,22	0,51
Winterraps x Chin. Rapssorten	138	0,39	0,26	0,52
Winterraps x Gemüseformen	161	0,34	0,19	0,54
Winterraps x klassische Resynthesen	621	0,50	0,26	0,71
Winterraps x Wild-Resynthesen	1012	0,61	0,44	0,79
Winterraps x Resynthesen _{gesamt}	1633	0,57	0,26	0,79
Sommerraps x Sommerraps	342	0,28	0,19	0,44
Sommerraps x chin. Rapssorten	114	0,46	0,33	0,54
Sommerraps x Gemüseformen	133	0,38	0,26	0,50
Sommerraps x klassische Resynthesen	513	0,53	0,33	0,71
Sommerraps x Wild-Resynthesen	836	0,61	0,44	0,76
Sommerraps x Resynthesen _{gesamt}	1349	0,58	0,33	0,75
chin. Rapssorten x chin. Rapssorten	30	0,37	0,29	0,43
chin. Rapssorten x Gemüseformen	42	0,41	0,39	0,52
chin. Rapssorten x klassische Resynthesen	162	0,45	0,35	0,69
chin. Rapssorten x Wild-Resynthesen	264	0,62	0,49	0,79
chin. Rapssorten x Resynthesen _{gesamt}	426	0,59	0,35	0,79
Gemüseformen x Gemüseformen	42	0,41	0,23	0,50
Gemüseformen x klassische Resynthesen	189	0,51	0,28	0,70
Gemüseformen x Wild-Resynthesen	308	0,61	0,44	0,78
Gemüseformen x Resynthesen _{gesamt}	497	0,57	0,28	0,78
Zuchtmaterial x Zuchtmaterial	2970	0,35	0,12	0,54
Zuchtmaterial x klassische Resynthesen	1485	0,52	0,26	0,71
Zuchtmaterial x Wild-Resynthesen	2420	0,61	0,44	0,79
Zuchtmaterial x Resynthesen _{gesamt}	3905	0,58	0,26	0,79
klassische Resynthesen x klassische Resynthesen	702	0,55	0,18	0,75
Wild-Resynthesen x Wild-Resynthesen	1892	0,59	0,09	0,79
klassische Resynthesen x Wild-Resynthesen	1188	0,61	0,35	0,81
Resynthesen _{gesamt} x Resynthesen _{gesamt}	4970	0,59	0,09	0,81

¹Anzahl der Paarvergleiche

Die geringste mittlere Distanz lässt sich mit 0,34 zwischen der Winterrapsgruppe und der Gruppe der Gemüseformen finden. Die größten mittleren genetischen Distanzen von 0,61 bis 0,62 treten bei den Gruppenvergleichen unter Beteiligung der Wild-Resynthesen auf (Tab. 3-1). Auch die beobachteten Minimal- und Maximalwerte liegen im Schnitt höher als diejenigen der anderen Vergleiche.

Die Vergleiche zwischen den Gruppen des Zuchtmaterials und der Gruppe der klassischen Resynthesen erbringen ebenfalls mittlere genetische Distanzen, die in

den meisten Fällen höher ausfallen, als die zwischen den Gruppenvergleichen innerhalb des Zuchtmaterials. Sie liegen zwischen 0,45 und 0,53.

Die größte Variationsbreite zeigt sich innerhalb der Wild-Resynthesen. Sie reicht hier von 0,09 zwischen den Resyntheselinien ‚J 166‘ und ‚J 400‘ bis 0,79 zwischen den Linien ‚MAY 1‘ und ‚MOL 2‘. Die mittlere GD liegt bei 0,59. Auch die Spanne der GD bei den klassischen Resynthesen ist groß. Sie umfasst einen Bereich von 0,18 zwischen den Genotypen ‚RS 7/6‘ und ‚H44‘ bis 0,75 zwischen ‚S 39‘ und ‚RS 10/7‘ bei einer mittleren GD von 0,55.

Für die Gruppe der 65 Resynthesen, die für die Testkreuzungen verwendet wurden, wurde eine mittlere GD zu dem Tester ‚MSL 007‘ von 0,56 und zu ‚RNX 4621‘ von 0,57 geschätzt. Die GD zwischen den beiden Testern liegt bei 0,27. Vergleicht man die GD der Resynthesen zu ‚MSL 007‘ und zu ‚RNX 4621‘, so erhält man eine sehr hohe signifikante Korrelation (Abb. 3-1).

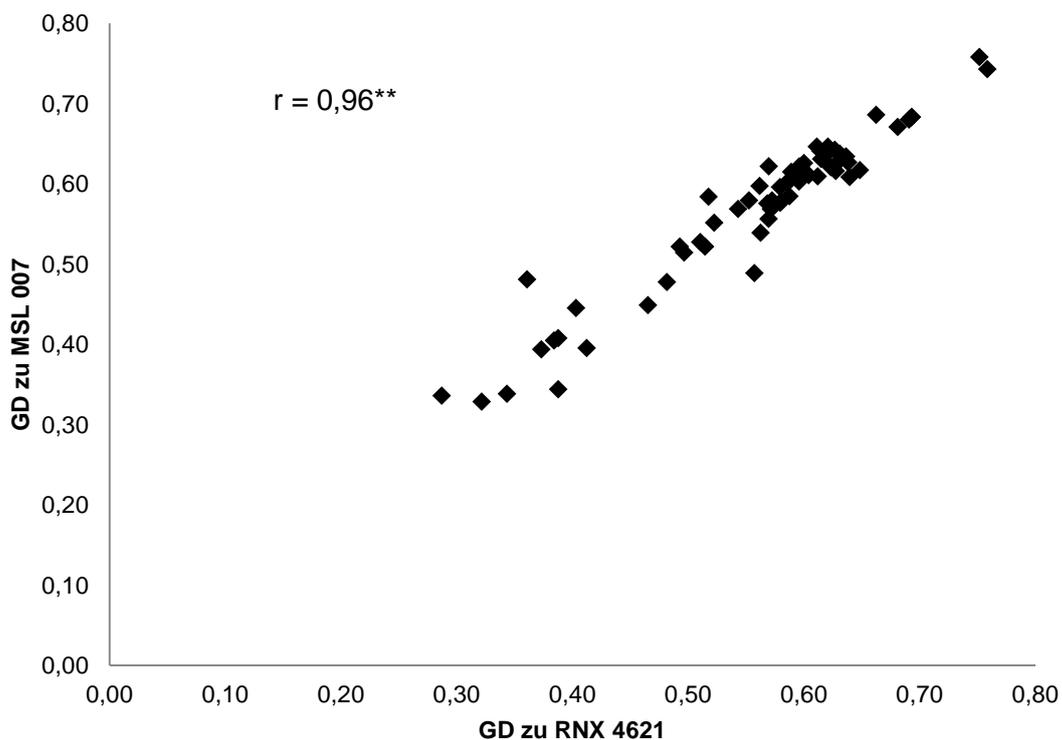


Abb. 3-1: Genetische Distanzen der 65 für die Produktion von Testhybriden verwendeten Resynthesen zu den männlich sterilen Testern ‚MSL 007‘ und ‚RNX 4621‘; ** = hochsignifikant ($P = 0,01$)

Teilt man die Resynthesen in klassische Resynthesen und Wild-Resynthesen auf, lässt sich für die klassischen Resynthesen eine mittlere GD zu den beiden Testern

von jeweils 0,50 beobachten. Für die Wild-Resynthesen liegt sie bei 0,61 zu ‚MSL 007‘ und bei 0,62 zu ‚RNX 4621‘.

3.1.2 Hauptkoordinatenanalyse

Für die aus den Markeranalysen ermittelten genetischen Distanzen wurde eine Hauptkoordinatenanalyse durchgeführt. Diese ermöglicht es zu überprüfen, inwieweit sich die unterschiedlichen für die Untersuchung verwendeten Materialgruppen genetisch tatsächlich voneinander abgrenzen lassen. Das Ergebnis ist in Abbildung 3-2 graphisch für die ersten drei Hauptkoordinaten dargestellt. Sie erklären zusammen 21,8 % der vorhandenen genetischen Variation.

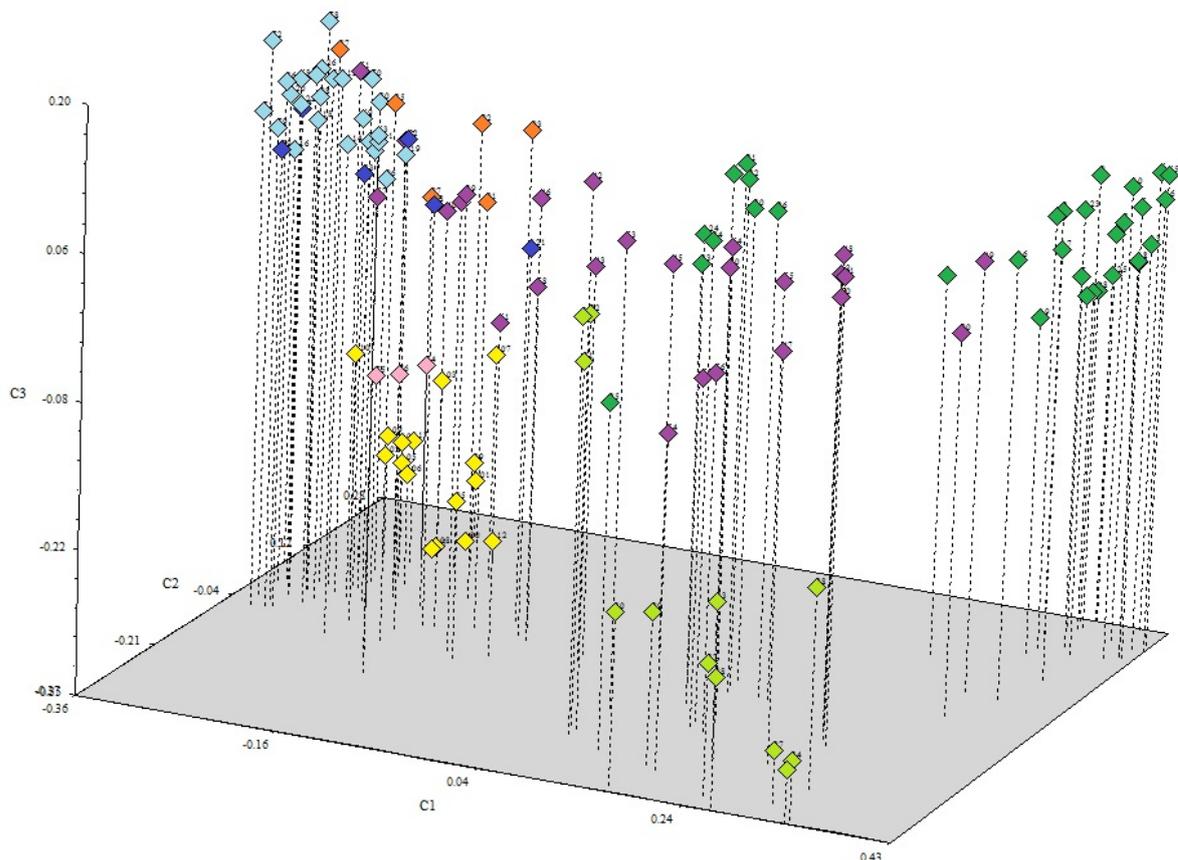


Abb. 3-2: Hauptkoordinatenanalyse der Verwandtschaftsbeziehungen zwischen 55 Rapssorten und 71 Resynthesen. Hellblau = Winter- und Gemüseraps, blau = Gemüseraps, gelb = Sommer- und chinesische Raps, orange = chinesische Raps, rosa = türkische Raps, violett = klassische Resynthesen, hellgrün = Resynthesen mit *Brassica*-Wildtypen, grün = Resynthesen mit *Brassica*-Wildarten

Anhand des Ergebnisses der Hauptkoordinatenanalyse (Abb. 3-2) kann das Untersuchungsmaterial in mehrere klar abgrenzbare Gruppen eingeteilt werden. Die hellblau gekennzeichnete Gruppe am linken oberen Rand entspricht den

untersuchten Winterrapssorten. Die Sommerrapssorten (gelb) bilden zusammen mit den türkischen Sorten (rosa) eine eigene Gruppe. Weiterhin lassen sich zwei in grün markierte und zwei in hellgrün markierte Gruppen identifizieren. Die grün markierte Gruppe im mittleren Bereich der Grafik enthält die Wild-Resynthesen, die aus Kreuzungen der Winterrübensorte ‚Largo‘ und verschiedenen *Brassica*-Wildarten erstellt wurden. In der zweiten grünen Gruppe, am rechten oberen Rand, finden sich Wild-Resynthesen, die auf Kreuzungen zwischen der Sommerrübenform ‚Yellow Sarson‘ und diversen *Brassica*-Wildarten basieren. Die beiden hellgrünen Gruppierungen bestehen aus Wild-Resynthesen, die mit Wildformen von *Brassica oleracea* hergestellt wurden, wobei die Genotypen der kleineren hellgrünen Gruppe (in der Mitte der Abbildung) auf Kreuzungen mit Winterrüben zurückgehen und die der größere Gruppe (im vorderen rechten Bereich) auf Kreuzungen mit der Sommerrübenform ‚Yellow Sarson‘ zurückzuführen sind. Für die chinesischen Sorten (orange) ist nur ansatzweise eine Gruppenbildung zu erkennen. Sie liegen in der Nähe der Winterrapsgruppe (hellblau). Die Gemüseformen (blau) und die klassischen Resynthesen (violett) bilden keine eindeutigen Gruppierungen. Die Gemüseformen (blau) gruppieren mehrheitlich zusammen mit den Winterrapssorten, während die klassischen Resynthesen fast über den gesamten Bereich streuen. Die verschiedenen Gruppen des Zuchtmaterials (Winter- und Sommerraps, chinesische und türkische Sorten sowie Gemüseformen) liegen in der Hauptkoordinatenanalyse im linken Teil der Abbildung nah beieinander. Die verschiedenen Gruppierungen der Wild-Resynthesen sind von denen des Zuchtmaterials deutlich abgesetzt und finden sich im mittleren bzw. rechten Teil der Grafik.

3.1.3 Clusteranalyse

Um die Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den einzelnen Linien der 126 untersuchten Rapsgenotypen aufzuzeigen, wurde auf Grundlage der geschätzten genetischen Distanzen eine Clusteranalyse durchgeführt. Das Ergebnis ist als Dendrogramm in Abbildung 3-3 dargestellt. Um die Übereinstimmung dieses Verwandtschaftsbaumes mit der Distanzmatrix zu überprüfen, wurde die cophenetische Korrelation zwischen den mittleren genetischen Distanzen der Clusteranalyse und den genetischen Distanzen für die einzelnen Paarvergleiche berechnet. Die Berechnung ergab einen Wert von $r = 0,92$. Zur statistischen

Absicherung der in der Clusteranalyse gefundenen Gruppierungen wurde außerdem ein Bootstrapping durchgeführt. Die Ergebnisse dafür werden in Abbildung I im Anhang gezeigt.

Innerhalb des Dendrogramms (Abb. 3-3) lässt sich eine Reihe von klar identifizierbaren Gruppierungen beobachten. Zur besseren Übersicht wurden diese mit verschiedenen Buchstaben gekennzeichnet. Die ersten drei Cluster von oben, gekennzeichnet mit den Buchstaben ‚W‘, ‚S‘ und ‚C‘, bilden zusammen ein größeres Cluster. In diesem sind alle Genotypen des Rapszuchtmaterials mit Ausnahme der ‚Wilhelmsburger Steckrübe‘ eingegliedert. Das mit ‚W‘ bezeichnete Cluster enthält sämtliche Winterrapsorten sowie fast alle Gemüseformen und mit den Linien ‚S 13‘, ‚B 1/3.3‘ und ‚S 108.1.1‘ auch drei klassische Resynthesen. Cluster ‚S‘ vereinigt alle Sommerrapsorten sowie die drei türkischen Rapsorten, und Cluster ‚C‘ beinhaltet die Sorten chinesischen Ursprungs. Die Trennung dieser drei Gruppierungen voneinander erfolgt im Dendrogramm bei einer mittleren GD von ~0,37 für die Cluster ‚W‘ und ‚S‘ bzw. bei einer mittleren GD von ~0,41 für das Cluster ‚C‘ zu den Clustern ‚W‘ und ‚S‘.

Die größten genetischen Distanzen zu den drei Gruppierungen des angepassten Zuchtmaterials weisen die drei mit ‚WS‘ bezeichneten Cluster auf. Ihre Abtrennung erfolgt bei mittleren GD-Werten von ~0,60 für Cluster ‚WS a‘, ~0,63 für Cluster ‚WS b‘ bzw. bei ~0,65 für das Cluster ‚WS c‘. Diese drei Gruppierungen enthalten sämtliche Wild-Resynthesen, die das C-Genom einer *Brassica*-Wildart in sich tragen. Cluster ‚WS a‘ beinhaltet neben den Wild-Resynthesen außerdem zwei klassische Resynthesen (‚FS 94.3‘ und ‚R 76‘). In Cluster ‚WS b‘ sind drei klassische Resynthesen (‚RS 4/6‘, ‚RS 10/7‘ und ‚RS 239‘) enthalten. Desweiteren finden sich hier zwei Wild-Resynthesen (‚OLY 1‘ und ‚OLY 2‘), die mit Wildformen von *Brassica oleracea* erstellt wurden. Die meisten der untersuchten klassischen Resyntheselinien gruppieren sich zwischen den Clustern des angepassten Zuchtmaterials (‚W‘, ‚S‘ und ‚C‘) und den Wild-Resynthese-Clustern (‚WS‘) ein. Für die klassischen Resynthese lassen sich meist nur kleinere Cluster von 3 bis maximal 5 Genotypen finden. Viele der klassischen Resynthesen stehen im Dendrogramm mehr oder weniger separiert. Dennoch lassen sich zwei Gruppen klassischer Resynthesen identifizieren. Diese sind im Dendrogramm mit den Buchstaben ‚RS a‘ und ‚RS b‘ gekennzeichnet. In der Gruppe ‚RS a‘ ist zusätzlich zu den Resynthesen noch die Gemüseform ‚Wilhelmsburger Steckrübe‘ enthalten.

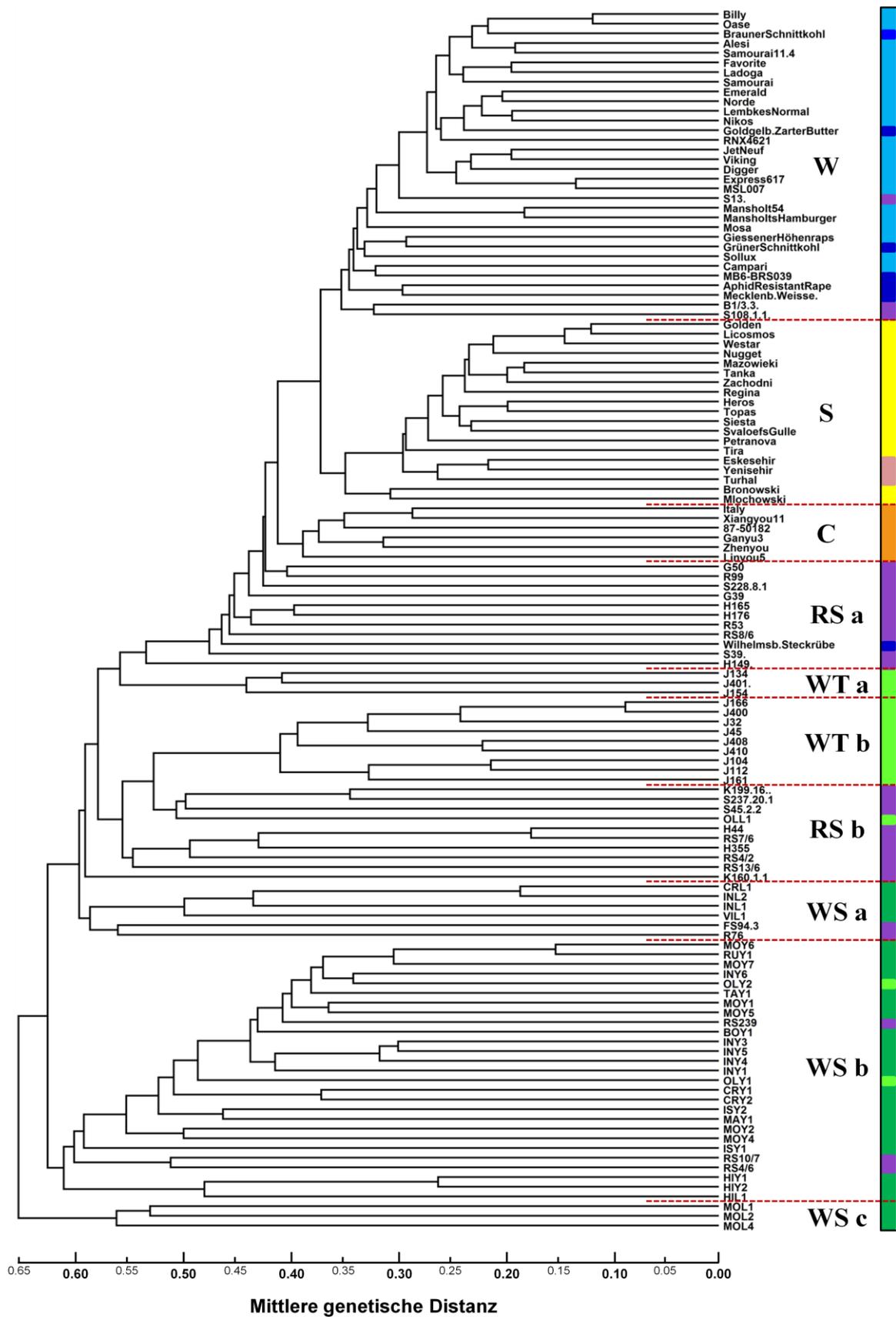


Abb. 3-3.: UPGMA Dendrogramm der Verwandtschaftsbeziehungen zwischen 55 Rapssorten und 71 Resynthesen. Die Berechnung der genetischen Distanzen erfolgte mit dem Jaccard-Koeffizienten. Hellblau = Winterraps (,W'), blau = Gemüseformen, gelb = Sommerraps (,S'), orange = chinesische Sorten (,C'), rosa = türkische Sorten, violett = klassische Resynthesen (,RS'), hellgrün = Resynthesen mit *B. oleracea*-Wildtypen (,WT'), grün = Resynthesen mit *Brassica*-Wildarten

Sie clustert als einzige Zuchtform nicht mit dem übrigen Zuchtmaterial. Die Trennung der Resynthesen der Gruppe ‚RS a‘ vom angepassten Zuchtmaterial erfolgt in einem Bereich der mittleren GD von $\sim 0,43$ (für die Genotypen ‚G 50‘ und ‚R 99‘) bis $\sim 0,53$ (für die Linie ‚H 149‘). Die Gruppe ‚RS b‘ enthält neben den klassischen Resynthesen auch eine Wild-Resynthese (‚OLL 1‘) die das C-Genom von einer *B. oleracea*-Wildform beinhaltet.

Zwischen den beiden Gruppen der klassischen Resynthesen liegen zwei weitere Cluster (markiert mit ‚WT‘), die Wild-Resynthesen beinhalten, welche aus Kreuzungen mit Wildformen von *B. oleracea* hervorgegangen sind. Das Cluster ‚WT a‘ trennt sich vom Zuchtmaterial bei einer mittleren GD von 0,55. Das zweite Cluster (‚WT b‘) bildet zusammen mit den klassischen Resynthesen des Clusters ‚RS b‘ ein größeres Cluster, welches eine mittlere GD von $\sim 0,58$ zum züchterisch bearbeiteten Rapszuchtmaterial aufweist.

3.2 Charakterisierung der *Brassica*-Wildarten

3.2.1 Fettsäuremuster

Für insgesamt 56 *Brassica*-Wildart-Akzessionen wurden im Zuge von Einzelkorn-GC Untersuchungen der Wild-Resynthesen die Fettsäuremuster analysiert.

Da für jede Akzession (im Folgenden mit AZ abgekürzt) jeweils nur ein Samenkorn analysiert wurde, wurde von einer statistischen Auswertung der Daten abgesehen.

Die Ergebnisse der Einzelkorn-GC sind in Tabelle 3-2 dargestellt. Für die meisten Fettsäuren lassen sich sowohl innerhalb der einzelnen untersuchten Arten wie auch artübergreifend große Variationen beobachten.

Für Palmitinsäure (C 16:0) lässt sich zum Beispiel eine Spanne von 2,56% für die *B. villosa*-AZ 6568 bis zu 7,3% für die *B. oleracea*-AZ 6824 beobachten. Der Mittelwert beträgt 4,5%. Auch für Ölsäure (C 18:1), Linolsäure (C 18:2) und Linolensäure (C 18:3) sind große Variationen festzustellen. Im Mittel erreichen diese drei Fettsäuren ähnliche Prozentanteile (Ölsäure 14,7%, Linolsäure 14,4% und Linolensäure 12,6%). Welche dieser drei Ölsäuren den höchsten Anteil (nach Erucasäure (C22:1)) aufweist, variiert zwischen den einzelnen Akzessionen stark. Während es bei den *B. cretica*-Akzessionen in der Regel die Ölsäure ist, dominiert in anderen Fällen die Linolsäure (z.B. bei der *B. oleracea*-AZ 6824) oder die Linolensäure (z.B. bei der *B. hilarionis*-AZ 7344).

Den höchsten prozentualen Anteil weist bei allen Akzessionen die Erucasäure auf. Die Spannbreite reicht hier von 27,1% für die *B. insularis* AZ-BRA 3050/2 bis zu 57% bei der *B. villosa*-AZ 6589

Tendenziell scheinen die *B. villosa*-Akzessionen und die *B. rupestris*-Akzessionen im Mittel die höchsten Erucasäuregehalte und die geringsten Palmitinsäuregehalte aufzuweisen.

Tab. 3-2: Ergebnisse der Einzelkorn-GC der Fettsäuren für 56 *Brassica*-Wildart-Akzessionen

Spezies	Akzession ¹	16:0	16:1	16:2	18:0	18:1	18:2	18:3	20:0	20:1	22:0	22:1
<i>B. bourgeauii</i>	BRA 2998	6,04	0,83	0,00	0,68	11,26	11,00	16,40	0,53	4,02	0,59	47,72
<i>B. cretica</i>	BRA 3092	5,04	0,00	0,00	1,20	17,38	15,03	15,56	0,94	7,75	1,07	36,00
<i>B. cretica</i>	BRA 2997	4,87	0,00	0,00	1,34	18,49	13,19	7,86	0,92	5,15	1,13	47,00
<i>B. cretica</i>	6343	4,79	0,51	0,00	1,09	13,32	11,46	13,11	0,82	4,12	1,00	49,61
<i>B. cretica</i>	5971	4,67	0,68	0,00	1,83	19,99	10,51	8,85	1,25	1,95	1,45	48,81
<i>B. cretica aegea</i>	6021	2,77	0,34	0,20	1,01	19,63	12,07	4,03	0,81	6,74	0,70	51,55
<i>B. cretica aegea</i>	6344	3,34	0,40	0,00	0,99	14,80	8,98	12,10	0,71	6,98	0,78	50,45
<i>B. cretica aegea</i>	6346	3,30	0,37	0,14	1,19	20,38	8,82	6,42	0,91	6,32	1,12	51,00
<i>B. hilarionis</i>	HRIGRU 12483	4,39	0,00	0,00	1,11	21,11	12,56	9,50	0,94	6,24	1,06	43,08
<i>B. hilarionis</i>	7344	5,17	0,00	0,00	0,88	17,69	13,94	19,53	0,50	5,34	0,84	35,48
<i>B. incana</i>	6570	4,66	0,00	0,00	1,06	13,13	14,30	13,63	0,64	2,41	0,82	48,92
<i>B. incana</i>	BRA 2918	4,16	0,51	0,00	1,12	16,56	11,64	9,19	0,67	3,11	0,76	52,14
<i>B. incana</i>	6563	5,10	0,57	0,00	0,76	10,53	11,17	14,18	0,55	4,99	0,65	50,89
<i>B. incana</i>	6564	5,34	0,00	0,00	0,82	14,64	14,43	13,90	0,54	1,53	0,32	48,34
<i>B. incana</i>	6569	3,51	0,42	0,00	0,85	12,92	11,75	8,87	0,59	4,87	0,72	54,86
<i>B. incana</i>	6572	4,87	0,69	0,00	0,88	11,50	13,64	7,91	0,61	4,87	0,81	53,45
<i>B. incana</i>	CGN 18470	5,12	0,00	0,00	1,12	15,27	13,16	16,74	0,98	2,65	0,23	43,98
<i>B. incana</i>	6558	5,73	0,00	0,00	1,30	19,63	17,45	11,34	0,66	2,97	0,45	40,33
<i>B. incana</i>	6560	5,80	0,00	0,00	1,11	17,21	17,85	16,01	0,78	2,67	0,58	37,45
<i>B. incana</i>	5974	6,48	0,00	0,00	0,95	18,54	16,44	11,17	0,94	3,48	1,20	40,33
<i>B. incana</i>	BRA 1166	6,98	0,00	0,00	1,29	20,03	20,45	12,19	0,65	2,31	0,47	35,22
<i>B. incana</i>	BRA 1262	6,86	0,00	0,00	1,45	13,99	21,22	20,83	0,98	3,57	1,60	29,10
<i>B. insularis</i>	BRA 2996	3,80	0,46	0,00	1,13	14,48	17,38	8,45	0,92	5,17	1,14	46,20
<i>B. insularis</i>	BRA 3050	4,14	0,00	0,00	1,16	16,16	13,33	12,23	0,73	3,14	1,03	47,91
<i>B. insularis</i>	BRA 3051/1	4,74	0,62	0,00	0,95	13,74	14,32	9,11	0,71	2,74	1,64	51,28
<i>B. insularis</i>	BRA 3051/2	3,66	0,40	0,00	1,05	18,92	18,55	15,87	0,78	12,81	0,61	27,13
<i>B. insularis</i>	7346	4,52	0,00	0,00	1,09	16,54	14,31	12,46	0,79	8,45	0,65	41,12
<i>B. macrocarpa</i>	6584	3,43	0,00	0,00	1,03	14,20	12,29	10,82	0,68	7,25	0,70	49,56
<i>B. montana</i>	6816	2,98	0,00	0,00	0,78	17,30	14,57	18,00	0,42	10,58	0,40	34,60
<i>B. montana</i>	6817	3,75	0,00	0,00	1,06	9,80	16,98	17,30	1,05	9,93	2,14	38,01

¹Akzessionen ohne Buchstabenkürzel entstammen der Banco de Germoplasma, Madrid (ES); CGN steht für Centre for Genetic Resources, Wageningen (NL), BRA für das IPK (D) und HRIGRU für Warwick HRI Genetic Resources Unit, University of Warwick (GB)

Tab. 3-2: Ergebnisse der Einzelkorn-GC der Fettsäuren für 56 *Brassica*-Wildart-Akzessionen (Fortsetzung)

Spezies	Akzession ¹	16:0	16:1	16:2	18:0	18:1	18:2	18:3	20:0	20:1	22:0	22:1
<i>B. montana</i>	6801	3,96	0,00	0,00	0,96	11,41	15,06	11,62	0,81	3,14	0,87	52,09
<i>B. montana</i>	6835	3,52	0,00	0,00	1,13	15,38	15,56	10,88	0,90	9,57	1,01	41,56
<i>B. montana</i>	CGN 18472	4,97	0,00	0,00	1,04	16,76	13,96	13,49	0,66	4,32	0,81	43,97
<i>B. montana</i>	BRA 2946	3,15	0,00	0,00	0,99	18,68	13,64	10,25	0,70	10,65	0,72	41,05
<i>B. montana</i>	BRA 2993	4,25	0,00	0,00	0,86	12,05	12,70	16,17	0,40	3,06	0,96	49,23
<i>B. montana</i>	BRA 2942	4,60	0,00	0,00	0,86	11,89	18,84	15,91	0,50	7,05	0,49	39,68
<i>B. montana</i>	BRA 3074	6,47	0,88	0,00	0,98	18,08	15,86	13,44	0,64	4,78	0,58	38,01
<i>B. oleracea</i>	6824	7,32	0,71	0,00	1,02	15,01	21,07	16,20	1,00	7,29	1,08	29,25
<i>B. oleracea</i>	7694	6,99	0,00	0,00	1,35	15,72	18,53	17,86	0,56	6,58	0,89	31,44
<i>B. oleracea</i>	BRA 141	4,57	0,00	0,00	0,88	8,68	18,53	17,15	0,60	2,70	1,27	45,60
<i>B. oleracea</i>	BRA 258	4,62	0,00	0,00	1,31	20,65	15,83	10,50	0,86	6,55	0,86	38,80
<i>B. oleracea</i>	7681	4,28	0,36	0,17	1,08	14,79	13,50	13,49	0,72	10,56	0,50	40,12
<i>B. oleracea</i>	7660	4,07	0,47	0,00	0,70	8,40	12,74	11,78	0,55	5,45	0,80	54,50
<i>B. oleracea selenisia</i>	BRA 1668	5,36	0,61	0,00	1,01	21,21	16,58	7,18	0,59	8,20	0,68	37,99
<i>B. rupestris hispida</i>	6580	3,24	0,12	0,00	0,69	12,99	11,25	10,66	0,50	1,91	1,04	56,11
<i>B. rupestris hispida</i>	6575	3,13	0,00	0,00	0,74	9,65	12,25	13,40	0,61	3,41	1,42	54,70
<i>B. rupestris</i>	6579	4,75	0,00	0,00	1,12	14,41	17,09	12,12	0,88	4,57	1,61	43,41
<i>B. rupestris</i>	6594	2,64	0,00	0,00	0,64	8,74	13,13	11,57	0,60	3,90	1,65	56,45
<i>B. rupestris</i>	BRA 2992	4,30	0,00	0,00	1,12	7,36	16,93	12,47	0,87	3,25	1,18	52,23
<i>B. taurica</i>	BRA 2947	4,64	0,55	0,00	1,02	11,79	19,06	11,47	0,67	2,80	0,77	47,08
<i>B. villosa bivoniana</i>	6589	2,56	0,00	0,00	0,93	10,47	10,06	13,72	0,84	2,90	1,42	57,00
<i>B. villosa bivoniana</i>	6581	2,83	0,13	0,00	0,70	9,83	14,42	10,16	0,67	4,62	1,41	55,10
<i>B. villosa drepanensis</i>	6926	4,36	0,00	0,00	1,17	11,96	13,96	13,63	0,81	4,23	1,48	47,81
<i>B. villosa</i>	6595	3,28	0,00	0,00	0,69	8,12	15,39	14,79	0,69	2,15	1,20	53,47
<i>B. villosa</i>	6848	2,79	0,00	0,00	1,28	22,40	8,24	5,12	0,77	5,63	1,34	52,42
<i>B. villosa</i>	6691	3,55	0,56	0,00	0,55	9,93	9,67	15,31	0,53	4,15	0,45	55,54
	Mittelwert	4,47	0,20	0,01	1,02	14,74	14,40	12,57	0,73	5,13	0,95	45,47
	Min.	2,56	0,00	0,00	0,55	7,36	8,24	4,03	0,40	1,53	0,23	27,13
	Max.	7,32	0,88	0,20	1,83	22,40	21,22	20,83	1,25	12,81	2,14	57,00

¹Akzessionen ohne Buchstabenkürzel entstammen der Banco de Germoplasma, Madrid (ES); CGN steht für Centre for Genetic Resources, Wageningen (NL), BRA für das IPK (D) und HRIGRU für Warwick HRI Genetic Resources Unit, University of Warwick (GB)

3.2.2 Blattglucosinolatgehalt und -muster

Im Rahmen einer Bachelorarbeit (Julia Rudloff (2010): „Charakterisierung von Brassica-Wildarten und deren Verwendung für Resynthesen“) wurden die Blattglucosinolatgehalte und Blattglucosinolatomuster von 40 Brassica-Wildart-Akzessionen aus 10 Arten mittels HPLC analysiert. Die dabei erarbeiteten Ergebnisse werden im Folgenden präsentiert.

Bei den HPLC-Analysen der Blattglucosinolate konnten insgesamt 12 unterschiedliche Glucosinolate nachgewiesen werden. Für annähernd alle gefundenen Glucosinolate sowie für den Gesamtglucosinolatgehalt der Blätter konnten in der Varianzanalyse hochsignifikante Unterschiede bestätigt werden (Tab. 3-3). Auch die errechneten Heritabilitäten erreichten in der Regel sehr hohe Werte von $h^2 \geq 0,90$ (Tab. 3-3). Ausnahmen bildeten die seltener bzw. nur in geringen Mengen vorkommenden Glucosinolate Glucobrassicinapin (GBN), 4-Methoxyglucobrassicin (4OH) und Neoglucobrassicin (NEO) für die keine signifikanten bzw. keine hochsignifikanten Unterschiede und nur sehr geringe Heritabilitäten vorlagen. Für Gluconapoleiferin (GNL) konnten zwar eine hochsignifikante genotypische Variation nachgewiesen werden, die Heritabilität ist aber mit $h^2 = 0,60$ eher niedrig.

Tab. 3-3: Ergebnisse der ANOVA für die HPLC-Analyse der Blattglucosinolatgehalte und -muster der *Brassica*-Wildarten. Gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

Varianzursache ^a	Genotyp	W	GxW	h^2
Glucoiberin (IBE)	15,7901**	-0,0232	1,4846	0,96
Progoitrin (PRO)	223,2595**	-0,1700	7,2290	0,98
Sinigrin (SIN)	135,1271**	0,0226	1,7599	0,99
Gluconapoleiferin (GNL)	0,0016**	-0,0001	0,0022	0,60
Glucoraphanin (RAA)	41,9859**	-0,0324	1,3745	0,98
Gluconapin (GNA)	560,0122**	-0,4849	28,3942	0,98
4-Hydroxyglucobrassicin (4OH)	12,1021**	-0,0028	0,1746	0,99
Glucobrassicinapin (GBN)	0,1162	-0,0136	0,6114	0,28
Glucobrassicin (GBC)	20,6402**	0,0131	2,8462	0,94
Gluconasturtiin (NAS)	7,5785**	-0,0049	0,1985	0,99
4-Methoxyglucobrassicin (4ME)	0,0000	0,0000	0,0007	0,12
Neoglucobrassicin (NEO)	0,0674 ⁺	0,0008	0,2360	0,36
GSL_{gesamt}	616,6710**	-0,2453	48,4547	0,96

^a W = Wiederholung, GxW = Interaktion zwischen Genotyp und Wiederholung; h^2 = Heritabilität; **, *, ⁺ signifikant bei $p = 0,01$, $p = 0,05$ bzw. $p = 0,1$

Die Ergebnisse für die Blattglucosinolatmuster und den Blattglucosinolatgehalt sind in Abbildung 3-4 graphisch dargestellt. Die genauen Einzelwerte sind Tabelle II im Anhang zu entnehmen.

Der Gesamtglucosinolatgehalt der Blätter zeigt eine große Spannweite sowohl zwischen den einzelnen Arten wie auch zwischen den Akzessionen innerhalb einer Art. Die ermittelte Grenzdifferenz ($p = 0,05$) für den Gesamtglucosinolatgehalt beträgt $14,1 \mu\text{mol/g}$. Der niedrigste Blattglucosinolatgehalt wurde mit $10,1 \mu\text{mol/g}$ für die *B. montana*-Akkzession (AZ) BRA 2993 ermittelt, der höchste Wert mit $117,5 \mu\text{mol/g}$ zeigte sich bei der AZ 6816, die ebenfalls der Art *B. montana* angehört. *B. montana* weist damit auch die größte beobachtete Spanne innerhalb einer Art auf. Auch bei den Akzessionen der Arten *B. cretica*, *B. incana* und *B. insularis* lassen sich große Variationsbreiten innerhalb der Arten beobachten, wohingegen es zwischen den vier Akzessionen von *B. oleracea* keine signifikanten Unterschiede im Blattglucosinolatgehalt gibt. Sie liegen alle zwischen $31,9 \mu\text{mol/g}$ und $39,3 \mu\text{mol/g}$.

Betrachtet man die Glucosinolatmuster der einzelnen Akzessionen (Abb. 3-4), so fällt die große Variation auf. Bei den Akzessionen von *B. cretica* ist Gluconapin (GNA) mit Prozentanteilen zwischen 64,3% (AZ 6344) und 95,2% (AZ 6021) des Gesamtglucosinolatgehaltes das Hauptglucosinolat, alle anderen Glucosinolate kommen gar nicht oder nur in geringeren Anteilen vor. Die Akzessionen von *B. insularis* zeichnen sich durch relativ hohe Anteile von Gluconapin (GNA) (bis > 90%, AZ BRA 3050) und Progoitrin (PRO) (bis 67%, AZ 7356) aus. Auch Guconasturtiin (NAS) ist mit Prozentanteilen bis 21% (AZ BRA 2996) vorhanden. Einen Sonderfall innerhalb der *B. insularis*-Akkzessionen stellt die AZ 1952 dar. Sie weist als Hauptglucosinolat Sinigrin (SIN) mit 97% auf, andere Glucosinolate sind nur in Spuren enthalten. Die übrigen Akzessionen weisen zum Teil sehr heterogene Glucosinolatmuster innerhalb der Arten wie auch zwischen den Arten auf. So ähneln sich bei *B. incana* die Muster der Akzessionen BRA 1262, 5974 und CGN 18470. Sie enthalten jeweils größere Anteile Iberin (IBE) und Sinigrin. Auch die AZ BRA 1166 zeigt ein ähnliches Muster, enthält aber anstatt Iberin mehr Progoitrin. Die übrigen *B. incana* Akzessionen enthalten nur wenig oder gar kein Iberin und Sinigrin. Bei ihnen sind vor allem Glucoraphanin (RAA), Gluconapin und Glucobrassicin (GBC) zu finden. Bei *B. montana* ist Gluconapin das Hauptglucosinolat der meisten Akzessionen mit Anteilen von 52% (AZ BRA 2942)

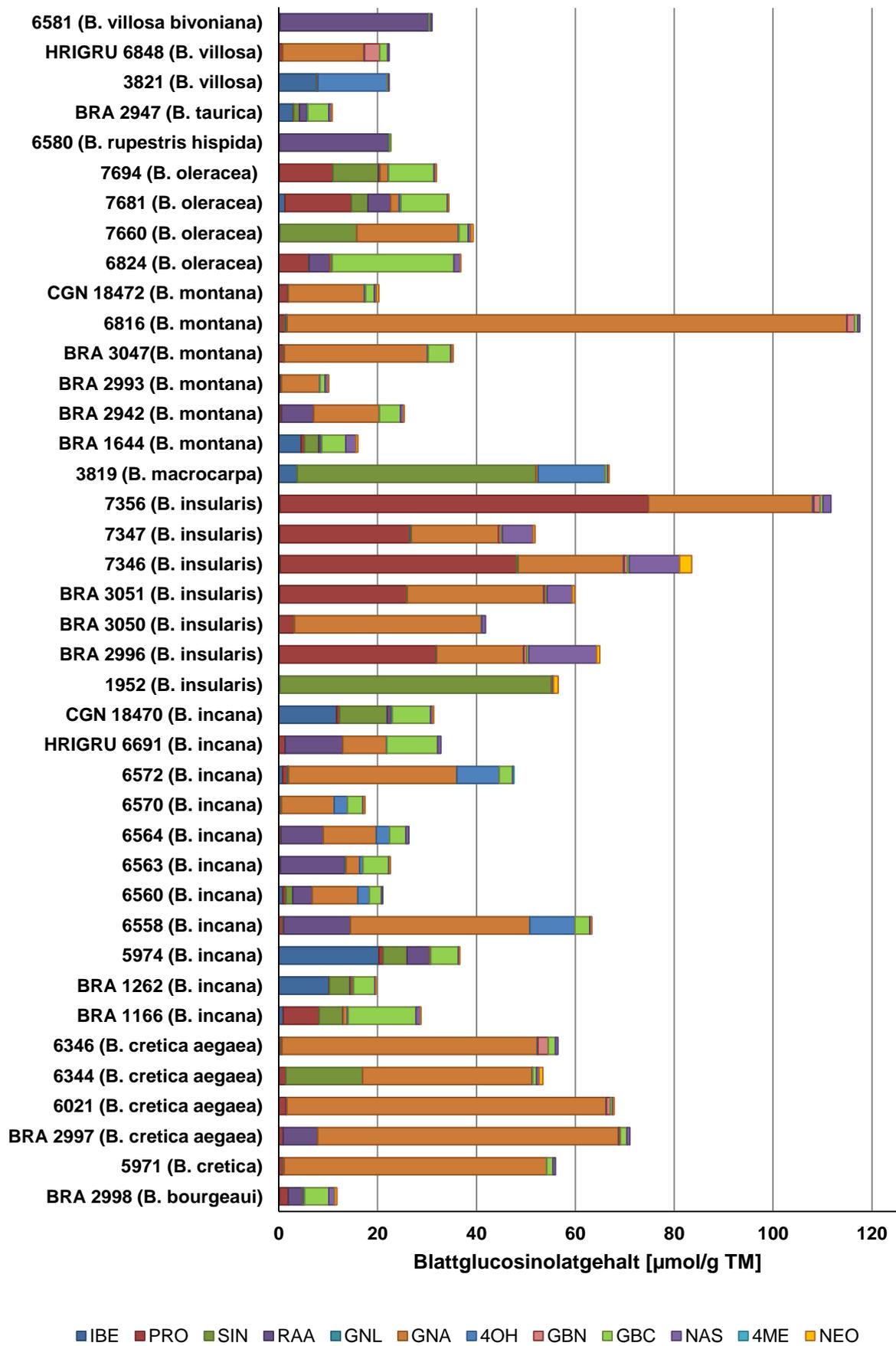


Abb. 3-4: Blattglucosinolatgehalt und –muster der Brassica-Wildarten

bis 96% (AZ 6816). Hier fällt nur die AZ BRA 1644 heraus, die kein Gluconapin enthält. Besonders große Unterschiede zwischen den einzelnen Akzessionen lassen sich bei den drei untersuchten *B. villosa*-Akzessionen feststellen. Während bei AZ 3821 annähernd nur die beiden Glucosinolate Iberin (34%) und 4-Methoxyglucobrassicin (63%) enthält, stellt bei AZ HRIGRU 6848 Gluconapin mit 74% das Hauptglucosinolat. Weiterhin sind Glucobrassicinapin (GNA) mit 14% und Glucobrassicin mit 7% enthalten. Die dritte AZ 6581 beinhaltet zu 97% Glucoraphanin und zeigt damit ein nahezu identisches Muster wie die *B. rupestris* AZ 6580.

3.3 Agronomische Eigenschaften der Resynthesen

3.3.1 Fettsäuremuster des Saatgutes

Im Vorfeld der Testkreuzungsproduktion wurde jeweils ein Samenkorn der für die Kreuzungen vorgesehenen Resynthesen hinsichtlich des Fettsäuremusters untersucht. Dies geschah mittels Einzelkorn-GC. Die verwendeten Samen stammten aus Gewächshausvermehrungen. Die Ergebnisse dieser Analyse sind in Tabelle 3-4 dargestellt.

Tab. 3-4: Ergebnisse der Einzelkorn-GC der Fettsäuren für die, für die Testkreuzungen vorgesehenen Resynthesen

Genotyp	16:0 [%]	16:1 [%]	16:2 [%]	18:0 [%]	18:1 [%]	18:2 [%]	18:3 [%]	20:0 [%]	20:1 [%]	22:0 [%]	22:1 [%]
B 1/3.3	2,7	0,2	0,0	1,1	25,0	13,1	10,7	0,7	16,7	0,5	28,6
BOY 1	2,5	0,3	0,0	0,8	11,4	16,1	6,8	0,7	4,9	1,1	53,7
CRL 1	4,0	0,5	0,0	1,6	18,9	13,8	10,8	1,0	11,0	0,8	37,5
CRY 1	2,5	0,3	0,1	1,5	15,5	14,8	3,2	1,3	5,4	1,5	52,9
CRY 2	2,2	0,2	0,0	0,8	12,8	14,9	7,6	0,7	5,6	0,8	52,6
FS 94.3	10,2	0,9	0,0	1,3	34,0	31,3	13,6	0,7	3,2	0,5	4,3
G 39	4,9	0,0	0,0	1,4	17,4	23,4	8,9	0,7	14,8	1,2	26,9
G 50	4,2	0,0	0,0	1,9	59,7	20,4	9,8	0,8	1,7	0,5	1,1
H 149	3,1	0,0	0,0	0,7	13,7	12,5	8,6	0,7	9,2	0,7	50,2
H 165	3,4	0,0	0,0	1,2	19,0	17,2	5,9	0,9	15,1	0,8	36,2
H 176	3,7	0,0	0,0	1,0	21,1	15,6	9,3	0,8	14,2	0,5	33,5
H 355	2,8	0,0	0,0	1,0	14,1	15,0	7,6	0,8	6,8	0,8	51,2
H44	3,4	0,0	0,0	1,2	23,6	14,7	7,2	1,0	9,2	1,0	38,0
HIY 1	2,9	0,3	0,0	0,9	19,4	14,2	3,7	0,8	8,2	0,8	48,1
INL 1	2,7	0,3	0,2	1,0	22,4	17,1	8,8	0,6	11,5	0,4	35,0
INL 2	3,3	0,0	0,0	1,3	21,5	18,2	10,6	0,9	10,0	1,0	32,6
INY 1	4,2	0,0	0,0	1,3	16,0	20,6	5,8	1,0	7,7	1,6	40,1
INY 4	2,8	0,4	0,0	1,2	15,4	17,2	5,6	1,0	4,1	1,5	49,6
INY 5	2,5	0,4	0,0	0,7	9,2	16,9	6,1	0,6	3,5	1,1	58,5
INY 6	3,5	0,0	0,0	0,8	16,7	10,5	11,0	0,7	3,3	1,0	52,3
ISY 1	3,9	0,0	0,0	1,6	21,8	15,8	5,5	1,3	8,9	1,4	39,0
J 104	3,1	0,0	0,0	1,1	11,9	12,9	8,2	0,9	4,0	1,6	54,5
J 112	2,1	0,0	0,0	1,0	10,6	12,9	7,0	0,8	2,4	1,0	62,2
J 134	4,2	0,6	0,0	1,7	26,9	24,0	5,2	1,1	12,1	0,8	23,4
J 154	2,7	0,0	0,0	1,0	17,8	13,1	7,7	0,8	11,1	0,8	44,5
J 161	2,7	0,0	0,0	0,8	10,8	14,6	8,0	0,7	5,7	1,3	54,7
J 166	3,3	0,4	0,0	1,0	12,5	17,6	5,7	0,8	6,4	1,4	50,5
J 32	3,0	0,0	0,0	0,8	9,7	15,0	8,7	0,6	3,9	1,4	56,0
J 401	3,7	0,0	0,0	1,3	29,4	16,5	6,3	0,8	13,7	0,8	27,5
J 408	2,6	0,0	0,0	1,3	15,9	13,6	5,2	1,1	7,5	1,7	50,6
J 410	2,9	0,0	0,0	1,1	12,9	13,6	7,8	1,0	4,6	1,3	53,5
J 45	5,7	1,2	0,0	2,4	22,4	18,7	7,3	1,8	4,2	2,1	34,4
J400	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
K 160.1.1	4,1	0,0	0,0	1,3	11,0	15,7	10,7	0,6	6,5	1,8	48,3

Tab. 3-4: Ergebnisse der Einzelkorn-GC der Fettsäuren für die, für die Testkreuzungen vorgesehenen Resynthesen (Fortsetzung)

Genotyp	16:0 [%]	16:1 [%]	16:2 [%]	18:0 [%]	18:1 [%]	18:2 [%]	18:3 [%]	20:0 [%]	20:1 [%]	22:0 [%]	22:1 [%]
K 199.16.2	2,8	0,2	0,1	0,8	12,6	12,3	10,3	0,7	3,7	1,1	54,8
MAY 1	3,0	0,3	0,1	0,8	13,6	20,3	4,1	0,7	8,5	0,8	46,5
MOL 1	3,6	0,0	0,0	1,4	31,3	18,6	6,6	2,5	11,5	1,2	21,8
MOL 2	3,7	0,0	0,0	2,2	37,9	15,0	3,5	1,2	12,8	1,0	22,8
MOY 1	2,2	0,4	0,0	0,6	9,1	16,3	8,0	0,6	2,1	0,9	59,0
MOY 2	4,1	0,7	0,0	2,4	26,4	16,7	4,8	1,9	8,2	1,6	32,6
MOY 4	2,4	0,0	0,0	1,0	16,3	15,0	5,1	0,9	9,9	1,2	48,3
MOY 5	2,7	0,0	0,0	1,8	20,6	15,2	2,7	1,6	11,1	1,5	42,6
MOY 6	3,0	0,0	0,0	2,0	21,0	12,8	3,6	1,7	5,1	2,6	48,3
OLL 1	3,8	0,0	0,0	1,3	29,8	12,4	8,2	0,7	14,6	0,5	28,8
OLY 1	4,1	0,8	0,0	1,9	21,6	12,7	2,9	1,7	3,9	2,9	47,7
OLY 2	2,9	0,0	0,0	1,4	20,4	14,0	3,5	1,2	8,6	1,6	45,2
R 53	3,5	0,0	0,0	1,2	23,0	14,7	8,5	0,9	13,2	0,6	34,1
R 76	3,6	0,0	0,0	1,5	29,6	14,8	6,7	1,0	11,2	0,9	30,6
R 99	3,6	0,1	0,0	1,3	22,9	14,8	9,5	0,8	20,0	0,4	26,1
RS 10/7	1,9	0,0	0,0	0,6	11,6	11,4	7,6	0,6	5,2	0,6	59,7
RS 13/6	2,7	0,0	0,0	2,4	31,2	9,8	2,9	1,7	10,8	1,1	37,6
RS 4/2	2,3	0,0	0,0	1,2	14,4	10,5	7,3	1,1	7,5	1,2	54,2
RS 4/6	2,8	0,2	0,0	0,9	18,7	12,1	5,7	0,8	10,2	0,9	47,6
RS 7/6	3,1	0,0	0,0	1,2	24,9	12,2	4,2	0,9	10,2	1,0	41,7
RS 8/6	3,4	0,0	0,0	1,3	28,2	14,6	6,8	0,8	17,4	0,7	26,8
RUY 1	2,7	0,2	0,0	1,1	13,7	17,1	6,1	1,0	3,9	1,5	51,4
S 108.1.1	4,4	0,5	0,0	3,3	36,2	18,2	9,1	1,4	10,7	0,8	15,2
S 228.8.1	3,8	0,0	0,0	1,4	17,2	17,6	11,5	1,0	13,8	1,1	32,4
S 237.20.1	3,8	0,5	0,3	1,2	20,6	12,9	5,6	0,8	6,2	1,3	46,4
S 39	3,7	0,3	0,2	2,5	69,5	13,4	4,9	0,9	1,9	0,5	2,3
S 45.2.2	2,7	0,0	0,0	1,3	18,8	14,2	9,8	0,8	11,9	0,7	38,9
S13	3,0	0,0	0,0	0,8	14,1	11,4	8,5	0,8	6,0	0,8	54,1
TAY 1	3,2	0,0	0,0	1,1	10,5	17,5	5,6	1,2	3,0	3,0	54,0
VIL 1	3,0	0,4	0,0	0,8	13,5	16,9	13,9	0,6	9,0	0,5	40,5
Min.	1,9	0,0	0,0	0,6	9,1	9,8	2,7	0,6	1,7	0,4	1,1
Max.	10,2	1,2	0,3	3,3	69,5	31,3	13,9	2,5	20,0	3,0	62,2
Mittelwert	3,3	0,2	0,0	1,3	20,6	15,5	7,2	1,0	8,4	1,1	40,9

Für fast alle Fettsäuren lässt sich eine große Variabilität zwischen den einzelnen Resynthesen beobachten. So reicht z.B. die Spanne für Palmitinsäure (C 16:0) von 1,9% bei ‚RS 10/7‘ bis 5,7% bei ‚J 45‘ bzw. 10,2% bei ‚FS 94.3‘. Die Variationsbreiten für Ölsäure (C 18:1) liegt zwischen 9,1% („MOY 1“) und 69,5% („S 39“) und die für Linolsäure (C 18:2) zwischen 9,8% und 31,3%. Bei einer ganzen Reihe Resynthesen liegt der Linolsäuregehalt über dem Ölsäuregehalt. Dies ist vor allem bei den Wildresynthesen zu beobachten (z.B. bei ‚MAY 1‘ mit 13,6% Ölsäure und 20,3% Linolsäure). Auch für Linolensäure (C 18:3) und Icosensäure (C 20:1) sind große Spannbreiten zu beobachten. Die Variationsbreite der Erucasäure (C 22:1) reicht von 1,1% („G50“) bis 62,2%

(,J 112'). Bis auf wenige Ausnahmen, für die bekannt war, dass sie annähernd erucasäurefrei sein sollten, wiesen alle Resynthesen einen mittleren bis hohen Erucasäuregehalt auf.

3.3.2 Merkmale im Beobachtungsanbau

Im Beobachtungsanbau konnten insgesamt 70 Resynthesen zusammen mit 10 Standards getestet werden. Dabei konnte beobachtet werden, dass insbesondere viele der mit *Brassica*-Wildarten bzw. Wildformen erstellten Resynthesen an allen Versuchsstandorten in Deutschland ausgewintert sind. Auch einige klassische Resynthesen haben den Winter 2009/2010 in Deutschland nicht überlebt. Viele weitere erlitten deutliche Winterschäden. Lediglich am Standort Impington (GB) haben alle 48 dort angebauten Resynthesen den Winter überstanden. Die dort geprüften Genotypen sind aus der GC- Ergebnistabelle (Tabelle 3-7) zu entnehmen.

Insgesamt konnten nur 23 Resyntheselinien identifiziert werden, die den Winter an allen sechs auswertbaren Standorten mehr oder weniger gut überstanden haben (siehe Tab. 3-6, Merkmal Winterfestigkeit (WF)). Die Auswertung der erfassten agronomischen Merkmale für diese Resynthesen ist zusammen mit denen der zehn als Standard verwendeten Winterrapssorten in Tab. 3-6 dargestellt. Für die mittels NIRS erfassten Phytosterole und Sinapoylverbindungen werden in Tab. 3-6 jeweils nur die Gesamtgehalte dargestellt. Die Werte für die einzelnen enthaltenen Phytosterole und Sinapoylverbindungen sind den Tabellen III und IV im Anhang zu entnehmen. Des weiteren sind zur Vervollständigung am Ende der Tab. 3-6 14 Genotypen aufgeführt, die nur am Standort Impington (GB) überlebt haben. Sie sind nicht mit in die Varianzanalyse der agronomischen Merkmale über sechs Standorte (Tab. 3-5) eingeflossen. Die Ergebnisse der Varianzanalyse für die agronomischen Merkmale für den Standort Impington werden daher im Anhang in Tab. V gezeigt.

Für alle erfassten Merkmale zeigen sich hochsignifikante genotypische Variationen (Tab. 3-5). Die Heritabilitäten (Tab. 3-5) für die einzelnen Merkmale erreichen sehr hohe Werte. Sie liegen in fast allen Fällen bei $\geq 0,90$. Eine Ausnahme bilden die durch Bonituren erfassten Merkmale Winterfestigkeit ($h^2 = 0,62$), Blühbeginn ($h^2 = 0,83$) und Lager ($h^2 = 0,74$) sowie die durch Messung erfasste Wuchshöhe ($h^2 = 0,82$) deren Werte etwas niedriger liegen.

Die beobachtete Spanne für den Ölgehalt reicht bei den Resynthesen von 35,6% (,G 39‘) bis 43,1% (,H 176‘ und ,K 199.16.2‘), und bei den Standards von 42,1% (,Tester Syngenta‘) bis 45,6% (,Oase‘) (Tab. 3-6). Im Mittel liegt der Ölgehalt der Resynthesen bei 40,4%, der der Standards bei 44,2%. Bei den Merkmalen Erucasäure (C 22:1) und Glucosinolatgehalt (GSL) weisen die Resynthesen deutlich höhere Gehalte als die Standardsorten auf. Während die Standards erucasäurefrei sind, reicht die Spanne bei den Resynthesen von 2,0% bei ,G 50‘ bis 33,3% bei ,S 13‘. Beim GSL-Gehalt erreichen die Standards maximal 19,7 µmol/g, bei den Resynthesen reicht die Spanne von 41,2 µmol/g für ,H 176‘ bis 96,9 µmol/g bei ,H 165‘. Für die in der Tabelle aufgeführten Resynthesen vom Standort Impington (GB) liegen die GSL-Werte zum Teil noch deutlich höher.

Tab. 3-5: Ergebnisse der ANOVA für den 6-ortigen Beobachtungsanbau der Resynthesen, gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

	Varianzursache ^a	Genotyp	Ort	GxO	Fehler ^b	h ²
	TKG	0,37**	0,23**	0,25**	0,12	0,90
	Wuchshöhe	139,46**	128,83**	112,58**	21,28	0,83
	Blühbeginn	6,84**	1,15**	4,46**	0,91	0,82
	Winterfestigkeit	1,24**	0,38**	3,89**	0,71	0,62
	Lager	1,34**	0,39**	1,43**	0,65	0,74
	ÖL	6,01**	3,82**	1,53**	0,64	0,96
	C22:1	111,76**	0,16	18,44**	2,94	0,97
	Protein	4,50**	3,26**	1,05**	0,40	0,96
	Glucosinolate	677,71**	15,01**	57,55**	15,73	0,99
Phytosterole	Brassicasterol	954,09**	258,89**	319,07**	129,49	0,95
	Campostero	27503,76**	2277,42**	5808,06**	1273,35	0,97
	Stigmasterol	0,33**	0,20**	0,11**	0,05	0,95
	Sitosterol	15069,74**	156,25**	4230,38**	790,19	0,96
	Avenasterol	493,25**	178,06**	111,36**	37,69	0,96
	Phytosterol gesamt	112787,91**	4237,71**	25178,18**	3942,35	0,96
Sinapoyle	Sinapoylglucose	0,55**	0,01**	0,16**	0,08	0,95
	Sinapin	0,37**	0,03**	0,22**	0,10	0,91
	andere SE^c	0,19**	0,02**	0,04**	0,02	0,96
	Sinapinsäure gesamt	0,54**	0,05**	0,29**	0,14	0,92

^a GxO = Interaktion zwischen Genotyp und Ort, h² = Heritabilität; ^b Fehler geschätzt aus 4 Orten mit je 2 Wiederholungen; ^c SE = Sinapinsäureester; +, *, ** signifikant bei p = 0,1, p=0,05 bzw. bei p=0,01

Tab. 3-6: Agronomische Merkmale der Resynthesen aus dem 6-ortigen Beobachtungsanbau

Genotyp	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [$\mu\text{mol/g}$]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^b	TKG [g]	Höhe [cm]	WF	BB	Lager
B1/3.3	40,7	7,9	20,9	61,3	3573,4	6,9	5,4	157,4	1,9	117,4	3,4
FS94.3	39,0	21,9	23,9	73,8	3294,5	6,6	5,1	178,7	3,5	-	1,3
G39	35,6	13,4	25,0	89,4	3291,0	6,1	4,7	-	5,6	-	-
G50	40,0	2,0	20,8	44,0	3553,4	7,9	4,3	118,2	4,5	122,6	-
H149	40,3	23,6	21,4	62,6	3193,3	6,2	5,3	121,5	2,0	116,6	7,3
H165	37,0	24,2	24,9	96,9	3207,2	5,8	5,0	-	6,5	-	-
H176	43,1	22,7	20,0	41,2	3354,2	7,3	5,7	132,5	1,4	117,7	1,7
H355	42,7	32,1	20,9	89,0	3164,7	7,1	5,9	138,9	2,0	121,2	2,0
H44	38,4	15,8	23,5	61,1	3228,8	6,6	5,9	130,4	5,2	121,2	1,8
INL2	40,8	10,4	21,7	61,1	3507,6	7,9	5,7	159,8	3,4	118,1	2,0
INY1	38,1	28,4	23,6	96,8	3279,8	6,0	7,6	126,9	3,0	118,8	-
J134	41,6	15,1	21,0	45,9	3306,8	6,9	5,1	134,5	4,2	118,2	1,4
K160.1.1	40,8	8,5	21,7	54,7	3552,4	6,3	4,6	129,4	1,8	117,8	4,5
K199.16.2	43,1	25,9	21,5	58,5	3144,7	7,4	4,8	122,3	3,3	119,7	2,8
OLL1	40,9	15,1	21,3	59,0	3444,5	7,3	6,1	138,9	4,2	115,4	3,3
R53	41,7	24,8	22,4	57,3	3162,6	7,3	5,2	120,6	2,5	118,9	1,3
R99	42,7	15,2	20,6	46,9	3381,5	6,9	4,3	136,9	1,9	115,7	3,5
RS10/7	37,3	15,6	23,9	91,3	3292,2	6,9	4,6	136,4	6,1	125,2	2,4
RS7/6	40,8	19,2	22,1	81,6	3288,6	6,9	5,3	161,3	4,0	121,8	3,0
RS8/6	40,3	15,1	21,9	62,7	3418,2	8,0	5,7	145,0	3,1	119,0	3,3
S108.1.1	40,1	7,8	21,6	57,2	3551,9	7,8	6,0	136,3	4,2	110,3	4,0
S13	42,7	33,3	21,0	96,2	3142,8	7,1	6,1	134,4	3,1	120,0	3,3
S228.8.1	40,7	16,8	21,7	61,8	3396,5	7,1	5,5	131,9	3,2	118,5	1,7
Tester Syngenta	42,1	0,3	19,7	25,9	3870,9	7,8	5,7	145,0	3,3	124,7	3,3
MSL 007	44,0	0,1	19,4	22,7	3984,3	8,0	5,3	136,9	1,5	118,7	1,7

^a Resynthesen, die nur am Standort Impington (GB) überlebt haben und daher nicht mit in die Auswertung eingeflossen sind; ^b berechnet als Sinapinsäureäquivalente

Tab. 3-6: Agronomische Merkmale der Resynthesen aus dem 6-ortigen Beobachtungsanbau (Fortsetzung)

Genotyp	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [μ mol/g]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^b	TKG [g]	Höhe [cm]	WF	BB	Lager
Alesi	43,4	0,1	18,2	20,5	3936,8	7,4	5,0	140,0	1,3	120,7	1,7
Elektra	44,4	0,0	18,2	20,5	4067,7	8,5	5,9	143,1	2,0	115,3	1,8
Favorite	44,9	0,0	18,2	18,5	3894,9	7,6	5,7	141,3	2,7	120,3	1,7
Ladoga	44,2	0,0	17,0	20,6	4093,4	8,3	5,9	140,0	1,3	118,2	1,7
Lorenz	45,4	0,0	17,5	22,8	4164,4	8,1	5,6	138,1	2,9	118,7	1,7
Oase	45,6	0,3	18,2	21,5	3911,3	8,5	5,3	145,6	1,7	120,5	1,7
Trabant	43,9	0,0	18,9	21,5	4022,5	8,3	5,7	148,1	1,8	116,8	1,7
Visby	43,5	0,0	17,7	18,7	4178,1	8,6	6,1	150,6	1,3	117,5	1,3
LSD (p = 0,05)	1,4	4,9	1,2	8,7	181,2	0,6	0,6	15,0	2,5	3,47	2,0
Min.	35,6	0,00	17,0	18,5	3142,8	5,8	4,3	118,2	1,3	110,3	1,3
Max.	45,6	33,26	25,0	96,9	4178,1	8,6	7,6	178,7	6,5	125,2	7,3
MW Resynthesen	40,4	18,03	22,1	67,4	3336,1	7,0	5,4	137,7	3,5	118,7	2,8
MW Standards	44,2	0,09	18,3	21,3	4012,4	8,1	5,6	142,9	2,0	119,1	1,8
BOY1^a	37,0	27,4	24,8	116,6	2943,1	5,9	6,3	-	-	-	-
CRL1^a	35,6	13,9	26,0	82,3	3316,9	6,4	6,5	-	-	-	-
CRY1^a	37,7	25,0	24,7	101,4	3208,1	4,9	11,8	-	-	-	-
HIY1^a	37,7	27,7	25,4	104,6	3067,5	5,2	8,7	-	-	-	-
INY3^a	34,2	25,1	23,2	90,1	3389,8	2,8	8,7	-	-	-	-
INY4^a	37,6	28,5	25,6	112,7	3053,3	4,8	6,2	-	-	-	-
INY5^a	40,0	31,4	23,0	100,4	3209,6	6,4	6,3	-	-	-	-
MOY4^a	38,4	31,3	24,3	103,9	3177,0	6,4	7,0	-	-	-	-
MOY5^a	38,2	21,7	24,6	102,1	3350,3	5,3	5,6	-	-	-	-

^a Resynthesen, die nur am Standort Impington (GB) überlebt haben und daher nicht mit in die Auswertung eingeflossen sind; ^b berechnet als Sinapinsäureäquivalente

Tab. 3-6: Agronomische Merkmale der Resynthesen aus dem 6-ortigen Beobachtungsanbau (Fortsetzung)

Genotyp	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [$\mu\text{mol/g}$]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^b	TKG [g]	Höhe [cm]	WF	BB	Lager
OLY2 ^a	35,8	24,7	25,1	67,6	3189,2	5,5	6,9	-	-	-	-
RUY1 ^a	36,3	26,5	24,2	93,4	3207,2	4,3	9,1	-	-	-	-
S237.20.1 ^a	39,2	25,4	23,9	76,1	3133,8	5,6	8,5	-	-	-	-
S39 ^a	37,4	12,5	23,2	78,0	3510,7	6,4	4,3	-	-	-	-
S45.2.2 ^a	40,9	20,5	22,7	72,7	3316,0	7,4	4,9	-	-	-	-

^a Resynthesen, die nur am Standort Impington (GB) überlebt haben und daher nicht mit in die Auswertung eingeflossen sind; ^b berechnet als Sinapinsäureäquivalente

Für die Resynthesen vom Standort Impington (GB) wurden zusätzlich zu den NIRS-Analysen Samenproben mittels GC-Analysen hinsichtlich ihrer Fettsäuremuster sowie mittels HPLC-Analysen hinsichtlich ihres Glucosinolatgehaltes und –musters untersucht. Um möglichst viele Resynthesen charakterisieren zu können, wurden einige weitere Genotypen, die nicht am Standort Impington geprüft werden konnten, vom Standort Göttingen mit in die Analysen einbezogen. Die Ergebnisse dieser Genotypen sind natürlich nicht direkt mit den übrigen Genotypen vergleichbar, sie sind daher in den Ergebnisdarstellungen extra gekennzeichnet und sind nicht mit in die statistische Auswertung der Teilversuche eingeflossen. Die Ergebnisse der GC- Analyse der Fettsäuremuster sind in Tabelle 3-7 dargestellt.

Tab. 3-7 : Ergebnisse der GC-Analyse der Fettsäuremuster für die Samenproben aus dem Beobachtungsanbau der Resynthesen in Impington (GB)

Genotyp	16:0 [%]	16:1 [%]	16:2 [%]	18:0 [%]	18:1 [%]	18:2 [%]	18:3 [%]	20:0 [%]	20:1 [%]	22:0 [%]	22:1 [%]
B1/3.3	3,4	0,3	0,0	1,7	64,2	16,7	9,3	0,4	2,0	0,2	1,2
BOY1	3,2	0,3	0,1	0,9	15,5	16,6	7,8	0,6	8,2	0,7	45,4
CRL1	4,2	0,3	0,2	1,6	29,0	17,0	12,2	0,7	13,3	0,3	20,7
CRY1	3,5	0,3	0,1	1,0	20,3	17,3	8,9	0,7	10,6	0,5	36,5
FS94.3	4,3	0,3	0,1	1,4	41,0	18,0	11,2	0,5	7,1	0,3	15,3
G39	4,8	0,3	0,2	1,2	25,3	21,1	10,4	0,5	16,6	0,2	18,6
G50	4,7	0,3	0,2	1,4	27,1	21,6	10,7	0,5	15,4	0,2	17,2
H149	4,0	0,4	0,2	1,1	20,7	13,7	7,9	0,7	12,3	0,5	38,1
H165	4,0	0,4	0,2	1,2	23,7	20,8	7,1	0,7	14,6	0,5	26,7
H176	4,4	0,3	0,2	1,8	25,8	16,8	9,4	0,7	13,1	0,4	26,8
H355	5,2	0,2	0,1	0,9	13,6	13,7	11,0	0,6	8,1	0,3	45,5
H44	4,2	0,3	0,2	1,4	28,7	20,0	9,3	0,6	15,6	0,3	18,9
HIY1	3,3	0,2	0,2	1,0	17,7	19,7	8,3	0,7	9,1	0,8	38,7
INL2	3,6	0,2	0,1	1,3	37,6	17,7	11,2	0,5	13,7	0,2	13,8
INY1	4,1	0,2	0,1	0,8	18,2	20,3	9,7	0,6	10,3	0,4	35,2
INY3	5,2	0,0	0,1	0,4	30,0	20,2	9,2	0,5	6,2	0,2	27,5
INY4	3,9	0,1	0,1	0,7	17,6	18,9	9,7	0,6	9,2	0,4	38,6
INY5	3,2	0,2	0,1	0,9	18,4	17,9	8,2	0,7	10,7	0,4	39,2
J134	3,8	0,3	0,4	1,5	36,6	19,1	7,9	0,6	13,2	0,3	15,7
K160.1.1	5,1	0,3	0,1	1,7	32,2	18,5	12,3	0,5	8,3	0,3	20,3
K199.16.2	4,9	0,3	0,1	1,6	32,2	18,2	12,4	0,5	8,7	0,3	20,7
MOY4	3,4	0,3	0,3	1,1	17,3	19,0	8,7	0,7	10,2	0,7	37,5
MOY5	3,9	0,3	0,4	1,2	21,7	19,3	9,3	0,7	14,1	0,5	27,9
OLL1	3,7	0,2	0,2	1,3	32,3	16,8	10,9	0,5	14,2	0,3	19,4
OLY2	3,5	0,3	0,1	0,9	15,3	18,7	7,4	0,6	9,2	0,9	42,5
R53	3,5	0,3	0,2	1,0	22,1	13,3	8,6	0,8	12,8	0,6	36,3
R99	4,1	0,4	0,1	1,1	36,0	16,3	8,8	0,6	13,7	0,3	18,1

Tab. 3-7 : Ergebnisse der GC-Analyse der Fettsäuremuster für die Samenproben aus dem Beobachtungsanbau der Resynthesen in Impington (GB) (Fortsetzung)

Genotyp	16:0 [%]	16:1 [%]	16:2 [%]	18:0 [%]	18:1 [%]	18:2 [%]	18:3 [%]	20:0 [%]	20:1 [%]	22:0 [%]	22:1 [%]
RS10/7	4,7	0,3	0,2	1,8	27,6	18,0	9,8	0,6	15,9	0,3	20,4
RS7/6	5,5	0,2	0,1	1,5	36,6	20,4	13,5	0,5	5,8	0,3	15,0
RS8/6	5,9	0,2	0,1	0,8	39,8	21,0	14,2	0,5	6,0	0,3	11,0
RUY1	2,9	0,3	0,5	0,9	15,1	18,3	8,4	0,6	8,6	0,8	43,2
S108.1.1	6,6	0,2	0,1	2,6	45,9	14,5	8,4	0,5	8,1	0,3	12,0
S13	3,6	0,3	0,1	1,0	12,7	13,9	10,3	0,7	9,7	0,4	46,9
S228.8.1	5,0	0,2	0,2	2,0	32,9	16,4	9,8	0,6	12,2	0,3	19,7
S237.20.1	6,2	0,2	0,1	1,7	24,7	14,4	8,5	0,8	12,0	0,6	30,6
S39	5,2	0,2	0,1	1,4	34,9	19,6	12,6	0,5	6,1	0,3	18,4
S45.2.2	4,9	0,3	0,1	1,5	30,2	18,7	12,6	0,5	8,8	0,3	21,4
VIL1	3,4	0,3	0,3	1,4	24,6	19,2	9,7	0,6	11,2	0,6	28,7
Tester Syngenta	7,3	0,1	0,0	1,1	57,9	16,2	9,7	0,4	3,4	0,2	3,3
MSL007	4,3	0,1	0,0	0,7	65,2	17,9	9,3	0,4	1,2	0,3	0,3
Alesi	5,5	0,1	0,0	0,7	66,4	16,8	8,3	0,4	1,1	0,2	0,3
Elektra	6,0	0,2	0,0	0,7	60,8	20,2	9,0	0,4	1,3	0,3	1,1
Favorite	6,4	0,1	0,0	0,7	65,9	16,3	8,1	0,4	1,3	0,2	0,4
Ladoga	4,6	0,2	0,0	0,4	62,5	21,7	8,5	0,4	1,2	0,2	0,2
Lorenz	4,2	0,2	0,0	1,1	62,7	19,4	9,5	0,3	1,3	0,2	0,9
Oase	4,2	0,2	0,0	0,0	68,7	17,5	7,3	0,4	1,1	0,3	0,1
Trabant	5,4	0,1	0,0	0,6	63,2	18,9	9,4	0,4	1,2	0,2	0,3
Visby	6,7	0,2	0,0	0,0	59,0	21,4	10,0	0,3	1,4	0,2	0,8
LSD (p = 0,05)	1,5	0,1	0,2	1,0	9,6	2,5	2,0	0,1	3,1	0,2	9,5
Min.	2,9	0,0	0,0	0,0	12,7	13,3	7,1	0,3	1,1	0,2	0,1
Max.	7,3	0,4	0,5	2,6	68,7	21,7	14,2	0,8	16,6	0,9	46,9
MW Resynthesen	4,3	0,3	0,2	1,3	27,5	17,9	9,9	0,6	10,7	0,4	26,6
MW Standards	5,5	0,1	0,0	0,6	63,2	18,6	8,9	0,4	1,5	0,2	0,8
J112 ¹	3,6	0,2	0,3	1,2	23,9	18,5	11,0	0,7	10,4	0,5	29,3
J154 ¹	3,7	0,2	0,1	1,3	27,1	17,9	9,7	0,6	13,3	0,4	25,1
J161 ¹	3,1	0,2	0,1	1,7	19,2	19,3	10,5	0,6	10,9	0,5	33,6
RS4/2 ¹	3,8	0,3	0,2	1,4	15,6	17,1	9,8	0,9	10,6	0,7	39,0
RS13/6 ¹	3,6	0,2	0,1	2,4	36,2	20,9	8,8	0,7	11,1	0,3	15,2

¹Ergebnisse für diese Resynthesen stammen vom Standort Göttingen und wurden daher nicht zusammen mit den übrigen aufgeführten Resynthesen vom Standort Impington (UK) verrechnet.

Für alle Fettsäuren liegt eine hochsignifikante genotypische Varianz vor (Tab.3-8). Die Resynthesen weisen in der Regel niedrige Ölsäuregehalte (C 18:1) und mittlere bis hohe Erucasäuregehalte (C 22:1) auf (Tab.3-7). Die Spanne für Ölsäure reicht von 12,7% (,S 13') bis 45,9% (,S 108.1.1'), bei Erucasäure von 11,0% (,RS 8/6') bis 46,9% (,S 13'). Eine Ausnahme bildet die Resynthese ,B 1/3.3' die einen hohen Ölsäuregehalt (64,2%) und einen sehr niedrigen

Erucasäuregehalt (1,2%) zeigt. Eine hohe Variationsbreite kann auch für Linolsäure (C 18:2), Linolensäure (C 18:3) und Icosensäure (C 20:1) festgestellt werden (Tab. 3-7). Bei einigen Resynthesen (vor allem Wild-Resynthesen) übertrifft der Linolsäuregehalt (C 18:2) den Ölsäuregehalt (C 18:1). Beispiele hierfür sind die Genotypen ‚BOY 1‘, ‚HIY 1‘, ‚INY 1‘, ‚INY 4‘, ‚OLY 2‘ und ‚RUY 1‘. Die Variation der einzelnen Fettsäuren innerhalb der Standards fällt deutlich geringer aus. Sie weisen alle hohe Ölsäuregehalte und sehr niedrige Erucasäuregehalte auf.

Die in der statistischen Auswertung errechnete Heritabilität (Tab.3-8) erreicht für alle Fettsäuren mit Ausnahme der Stearinsäure (C 18:0) hohe Werte von $\geq 0,74$. Für Ölsäure, Icosensäure und Erucasäure werden sogar sehr hohe Werte $\geq 0,95$ erreicht.

Tab. 3-8: Ergebnisse der ANOVA für die GC-Analyse der Fettsäuren der Resynthesen vom Standort Impington (GB). Gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

Varianzursache ^a	Genotyp	Wdh.	GxW	h ²
16:0 Palmitinsäure	0,82**	0,00	0,57	0,74
16:1 Palmitoleinsäure	0,00**	0,00	0,02	0,77
16:2	0,01**	0,00*	0,00	0,77
18:0 Stearinsäure	0,12**	0,00	0,24	0,50
18:1 Ölsäure	291,98**	0,27	22,92	0,96
18:2 Linolsäure	4,06**	-0,03	1,53	0,84
18:3 Linolensäure	2,25**	-0,02	1,01	0,82
20:0 Arachinsäure	0,01**	0,00	0,00	0,87
20:1 Icosensäure	22,03**	-0,04	2,40	0,95
22:0 Behensäure	0,03**	0,00	0,01	0,80
22:1 Erucasäure	205,72**	0,01	22,25	0,95

^a Wdh. = Wiederholung, GxW = Interaktion zwischen Genotyp und Wiederholung, h² = Heritabilität; **, * signifikant bei p = 0,01 bzw. bei p = 0,05

In der HPLC der Samenglucosinolate konnten insgesamt 12 verschiedene Glucosinolate nachgewiesen werden. Auch hier konnte in der Varianzanalyse (Tab. 3-9) für alle Merkmale eine hohe genotypische Variation festgestellt werden. Der Gesamtglucosinolatgehalt sowie die Glucosinolatmuster der einzelnen Genotypen sind in Abbildung 3-5 graphisch dargestellt. Die genauen Einzelwerte sind Tabelle VI im Anhang zu entnehmen. Der Gesamtglucosinolatgehalt zeigt

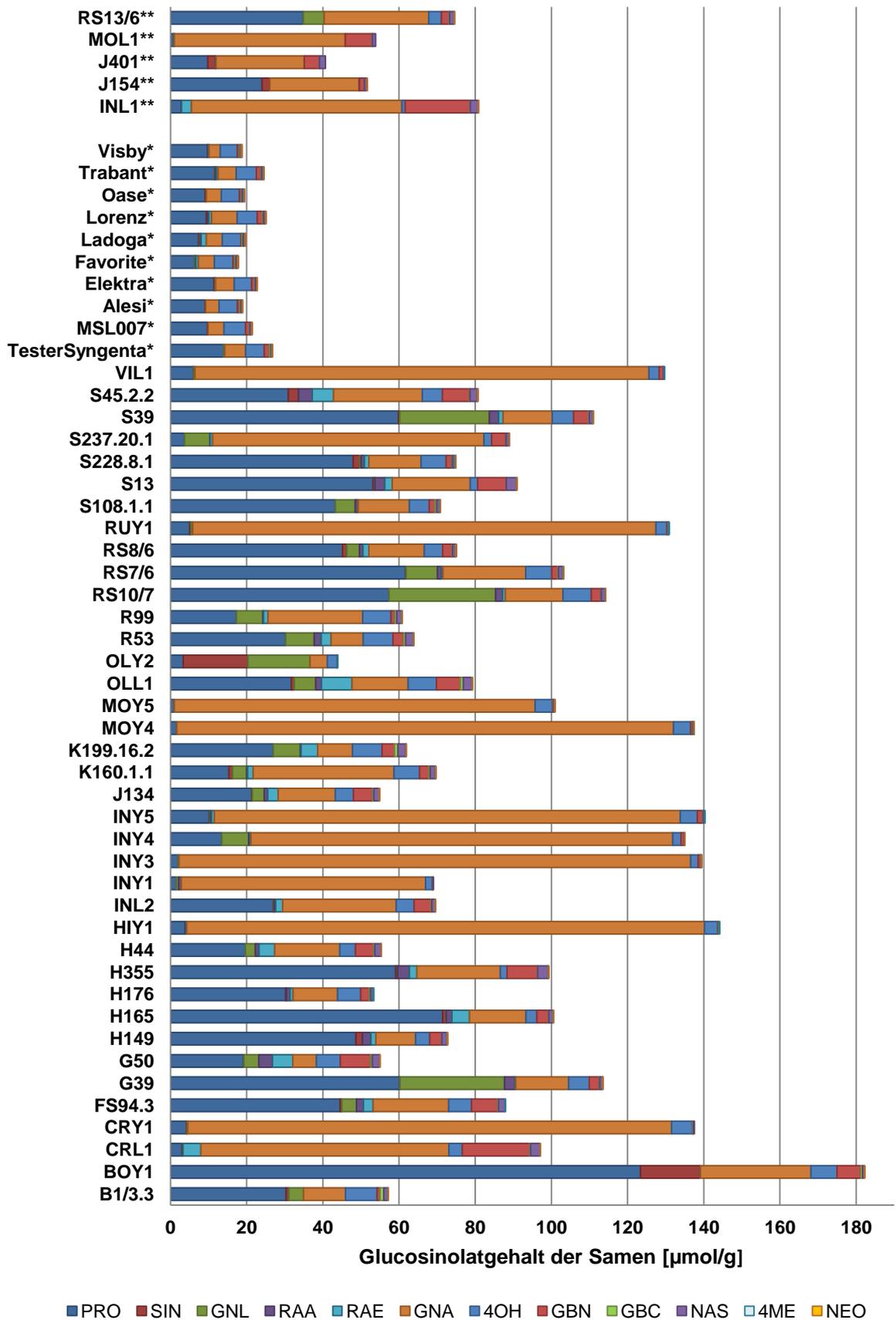


Abb. 3-5: Samenglucosinolatgehalt und –muster der Resynthesen des Beobachtungsanbaus am Standort Impington (GB). * = Standards, ** = Samenproben vom Standort Göttingen

eine sehr große Variationsbreite. Er reicht bei den Resynthesen von 43,9 µmol/g (,OLY 2') bis 182 µmol/g (,BOY 1') (Abb. 3-5) und liegt im Mittel bei 93,4 µmol/g. Bei den Standardsorten ist die Variationsbreite deutlich geringer. Die Spanne liegt hier zwischen 17,7 µmol/g (,Favorite') und 26,7 µmol/g (,Tester Syngenta'). Der Mittelwert beträgt 21,5 µmol/g. Die höchsten Glucosinolatgehalte (≥ 120 µmol/g) werden ausschließlich von Wild-Resynthesen erreicht.

Betrachtet man die Glucosinolatmuster, so ist festzustellen, dass das Hauptsamenglucosinolat der Standardsorten und annähernd aller klassischen Resynthesen Progoitrin (PRO) ist, während es bei den meisten Wild-Resynthesen Gluconapin (GNA) ist. Bei vielen der Wild-Resynthesen hat GNA einen Anteil von mehr als 90% am Gesamtglucosinolatgehalt. Ausnahmen bilden die Genotypen ,BOY 1', ,J134' und ,OLL 1' deren Hauptglucosinolat Progoitrin ist und ,OLY 2' deren Hauptglucosinolate Sinigrin (SIN) mit 38,6% und Gluconapoleiferin (GNL) mit 37,2% vom Gesamtglucosinolatgehalt sind. Weiterhin fallen die drei klassischen Resynthesen ,G 39', ,RS 10/7' und ,S 39' auf, die einen relativ hohen Anteil (> 20%) an GNL aufweisen sowie die Wild-Resynthese 'CRL 1' und die Resynthese ,G 50' bei denen Glucobrassicinapin (GBN) deutlich mehr als 10% des Gesamtglucosinolatgehaltes ausmacht. Auch 4-Hydroxiglucobrassicin (4OH) ist in fünf der klassischen Resynthesen (,B 1/3.3', ,G 50', ,H 176', ,K 199.16.2' und ,R 99') mit Prozentanteilen > 10% vertreten. Alle weiteren gefundenen Glucosinolate kommen in den Resynthesen nur in geringen Prozentanteilen < 10% meist sogar < 5% vor.

Zwischen den Standards gibt es nur geringe Unterschiede in den Glucosinolatmustern. Hauptglucosinolat ist bei allen PRO mit einem mittleren Prozentanteil von 45%, an zweiter Stelle folgt 4OH mit durchschnittlich 23% und an dritter Stelle GNA mit 21%. Alle anderen Glucosinolate sind in den Standards nur in geringen Mengen enthalten.

Teilt man die Glucosinolatgehalte nach ihrer chemischen Gruppenzugehörigkeit in die Gruppen Alkenylglucosinolate, Indolglucosinolate und phenolische Glucosinolate auf, so beträgt der prozentuale Anteil der Alkenyle bei den Resynthesen im Mittel 92,1%. Die Indole sind mit 6,6% vertreten und die phenolischen Glucosinolate mit 1,3%. Bei den Standards ist der prozentuale Anteil der Alkenyle mit 72,2% deutlich geringer, der der Indole hingegen mit 25,5% deutlich höher. Die phenolischen Glucosinolate sind hier mit 1,8% vertreten.

Tab. 3-9: Ergebnisse der ANOVA für die HPLC-Analyse der Samen-glucosinolatgehalte und -muster für die Resynthesen vom Standort Impington (GB). Gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

Varianzursache ^a	Genotyp	Wdh.	GxW	h ²
Progoitrin (PRO)	602,4291**	0,2025	37,2433	0,97
Sinigrin (SIN)	9,8225**	0,0086	1,8279	0,91
Gluconapoleiferin (GNL)	43,9648**	-0,0187	4,0691	0,96
Glucoraphanin (RAA)	0,8777**	-0,0078	0,3731	0,82
Glucoraphenin (RAE)	3,2025**	-0,0021	0,5251	0,92
Gluconapin (GNA)	1923,4874**	-0,6113	44,6259	0,99
4-Hydroxiglucobrassicin (4OH)	2,7886**	0,0215	0,6803	0,89
Glucobrassicinapin (GBN)	10,0558**	-0,0134	0,6506	0,97
Glucobrassicin (GBC)	0,0359**	0,0001	0,0251	0,74
Gluconasturtiin (NAS)	0,5028**	-0,0006	0,0517	0,95
4-Methoxyglucobrassicin (4ME)	0,0030**	0,0000	0,0007	0,90
Neoglucobrassicin (NEO)	0,0014**	0,0000	0,0006	0,82
GSL_{gesamt}	1713,1915**	-0,2639	61,2472	0,98

^a Wdh. = Wiederholung, GxW = Interaktion zwischen Genotyp und Wiederholung, h² = Heritabilität;

** Signifikant bei p = 0,01

Die statistische Auswertung der Ergebnisse der HPLC-Analyse erbrachte für alle Glucosinolate hohe Heritabilitäten (Tab. 3-9). Lediglich für Glucoraphanin (RAA), Glucobrassicin (GBC) und Neoglucobrassicin (NEO) liegen die Heritabilitätswerte etwas niedriger.

3.4 Agronomische Eigenschaften der Testkreuzungen

3.4.1 Erstellung der Testkreuzungen

Die Erstellung der Testhybriden aus Kreuzungen der 65 Resyntheselinien mit den beiden Testern ‚MSL 007‘ und ‚RNX 4621‘ bei den Züchtern erbrachte für die meisten Hybridkombinationen nur geringe Saatgutmengen, für einige der geplanten Hybridkombinationen auch gar kein Saatgut.

Aus lediglich 39 Kreuzungen (davon 18 mit ‚MSL 007‘ und 21 mit ‚RNX 4621‘) konnte ausreichend Saatgut für alle Versuchsteile und –standorte (Leistungsprüfungen: 9 Standorte, Beobachtungsanbau: 8 Standorte) gewonnen werden. Bei 25 weiteren Testhybriden (12 mit ‚MSL 007‘, 13 mit ‚RNX 4621‘) reichten die produzierten Saatgutmengen für vier Leistungsprüfungsstandorte und den Beobachtungsanbau, so dass in den Leistungsprüfungen insgesamt 64 Hybridkombinationen (30 mit ‚MSL 007‘ und 34 mit ‚RNX 4621‘) geprüft werden konnten.

Von 36 ‚MSL‘-Hybriden und 31 ‚RNX‘-Hybriden gab es außerdem ausreichend Saatgut für alle Standorte des Beobachtungsanbaus. Zusätzlich gab es von 17 ‚MSL‘-Kreuzungen sowie 10 ‚RNX‘-Kreuzungen für vier Standorte genug Saatgut. Bei weiteren acht ‚MSL‘- sowie zwei ‚RNX‘-Kombinationen reichte die erzielte Saatgutmenge nur für einen bzw. zwei Standorte des Beobachtungsanbaus aus. Insgesamt waren somit 104 Testhybriden in den Beobachtungsanbau integriert.

Bei der Durchführung der Testkreuzungen im Gewächshaus konnte mit Ausnahme von drei Kombinationen (eine mit ‚MSL 007‘ und zwei mit ‚RNX 4621‘) von allen der vorgesehenen Kreuzungen Saatgut geerntet werden. Aufgrund des geringen Umfangs der Testkreuzungsproduktion im Gewächshaus konnten hier jedoch nur geringe Saatgutmengen produziert werden.

3.4.2 Merkmale im Beobachtungsanbau

Im Beobachtungsanbau der Testkreuzungen konnten insgesamt 70 Genotypen an sechs Standorten geprüft werden. Weitere 27 konnten nur an vier Standorten geprüft werden, so dass an diesen vier Standorten insgesamt 97 Genotypen angebaut wurden.

Im Folgenden werden daher nur die Ergebnisse des umfangreicheren 4-ortigen Beobachtungsanbaus präsentiert. Die Ergebnisse des 6-ortigen Beobachtungsanbaus sind den Tabellen IX bis XII im Anhang zu entnehmen.

Annähernd alle Testkreuzungen haben den Winter 2009/2010 gut überdauert, einige wenige wiesen eine geringere Winterfestigkeit auf. Dies zeigt sich auch in den Bonituren für die Winterfestigkeit (WF) in Tab.3-10. Die meisten Genotypen zeigen hier niedrige Werte und somit eine akzeptable Winterfestigkeit. Es gibt aber auch Ausnahmen wie z.B. die Kreuzungen ‚MSL 007 x J 166‘, ‚MSL 007 x J 410‘, ‚MSL 007 x J 45‘ und ‚RNX 4621 x J 104‘, die Werte > 5 aufweisen und damit entsprechend große Auswinterungserscheinungen zeigten.

In Tabelle 3-10 sind neben den Werten für die Winterfestigkeit auch alle weiteren erfassten agronomischen Merkmale dargestellt. Für die Phytosterole und Sinapoylverbindungen werden an dieser Stelle nur die Gesamtgehalte aufgeführt. Die Werte für die einzelnen enthaltenen Phytosterole und Sinapoylverbindungen sind den Tabellen VII und VIII im Anhang zu entnehmen.

Für alle erfassten Merkmale zeigt die Varianzanalyse (Tab. 3-11) eine hochsignifikante genotypisch bedingte Variation. Des Weiteren werden für alle Merkmale hohe bis sehr hohe Heritabilitäten ausgegeben. Ausnahmen bilden hier nur die Merkmale Winterfestigkeit ($h^2 = 0,56$) und Wuchshöhe ($h^2 = 0,71$).

Der Ölgehalt der Testhybriden weist eine Spanne von 37,5% (‚MSL 007 x MOY 6‘) bis 45,3% (‚MSL 007 x RS 7/6‘) auf und liegt im Mittel bei 42,4%. Die drei Standards liegen leicht höher mit einem Mittelwert von 43,8%. Für den Erucasäuregehalt (C 22:1) reicht die Spanne von 0,1% (‚RNX 4621 x G 50‘) bis 22,5% (‚MSL 007 x CRY 1‘). Der Mittelwert liegt bei knapp 13%. Die Standards sind annähernd erucasäurefrei. Der Gesamtglucosinolatgehalt zeigt zwischen den Testhybriden eine große Spannbreite. Er reicht von 29,5 $\mu\text{mol/g}$ ‚MSL x H 176‘ bis 94,7 $\mu\text{mol/g}$ bei ‚MSL 007 x MOY 6‘ und liegt im Mittel bei 51,6 $\mu\text{mol/g}$. Die Standards liegen mit einem Mittelwert von 22,5 $\mu\text{mol/g}$ deutlich darunter. Auch für die anderen Merkmale lassen sich deutliche Variationen beobachten.

Tab.3-10: Agronomische Merkmale der Testhybriden aus dem 4-ortigen Beobachtungsanbau

Genotyp	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [μmol/g]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	TKG [g]	Höhe [cm]	WF	BB	Lager
MxB1/3.3	42,8	7,6	20,2	63,1	3663,1	7,6	5,2	155,8	1,3	118,5	1,5
MxBOY1	40,7	20,7	21,9	79,2	3365,5	7,5	6,4	142,0	2,4	119,0	-
MxCRY1	40,5	17,4	22,5	83,2	3446,2	7,2	10,9	-	-	-	-
MxFS94.3	42,9	1,7	19,1	43,7	3885,7	7,9	5,5	166,7	1,3	119,0	1,5
MxG39	42,4	8,8	20,2	61,3	3697,7	7,6	5,1	163,3	2,8	119,8	2,5
MxG50	43,4	0,4	19,0	44,5	3976,8	8,6	5,5	143,3	1,3	119,0	1,5
MxH149	44,4	20,2	19,0	54,4	3456,1	7,1	5,2	155,0	1,2	113,8	2,0
MxH165	43,7	12,1	19,7	44,5	3640,4	7,9	5,0	140,7	1,8	118,9	1,5
MxH176	45,3	13,5	18,5	29,5	3651,1	8,1	5,7	150,0	1,3	117,8	1,5
MxH355	43,5	22,2	21,0	61,6	3336,2	8,0	5,5	136,6	2,7	116,5	1,4
MxH44	44,5	19,7	20,0	41,9	3427,5	7,1	5,8	143,3	1,0	113,8	1,5
MxHIY1	40,4	20,2	22,4	85,8	3326,6	7,0	8,0	142,3	3,6	116,8	1,5
MxINL1	41,4	9,5	20,9	41,2	3663,5	7,9	6,5	152,5	1,2	118,4	1,5
MxINL2	41,4	11,1	21,1	52,9	3569,3	7,7	5,7	151,7	1,3	114,5	1,5
MxINY1	38,2	20,5	23,8	83,4	3351,5	6,3	9,4	-	-	-	-
MxINY4	39,6	19,5	22,9	83,1	3437,4	7,5	8,3	-	-	-	-
MxINY6	40,7	9,8	21,0	61,2	3661,7	7,8	7,1	151,7	1,3	118,7	1,6
MxJ104	41,0	18,4	20,3	57,1	3368,9	7,5	5,3	127,8	4,3	118,1	1,5
MxJ112	42,8	7,9	20,1	39,8	3840,6	7,8	6,1	142,3	1,0	116,8	1,5
MxJ134	42,6	9,7	19,5	36,6	3590,0	7,4	5,6	137,6	2,7	116,4	1,5
MxJ154	42,0	13,7	20,4	61,7	3579,5	7,6	6,3	136,0	2,8	109,1	1,5
MxJ161	42,8	18,0	19,8	51,6	3378,7	7,9	5,1	127,0	4,9	119,5	-
MxJ166	41,3	16,6	20,9	61,6	3458,8	7,9	6,4	135,5	5,1	115,6	1,5
MxJ32	41,8	9,3	20,4	51,1	3657,7	7,8	6,1	143,3	3,7	117,8	1,5
MxJ400	40,5	16,3	20,5	52,8	3497,8	7,8	5,8	136,7	5,0	118,5	1,5

61

^aberechnet als Sinapinsäureäquivalente

Tab.3-10: Agronomische Merkmale der Testhybriden aus dem 4-ortigen Beobachtungsanbau (Fortsetzung)

Genotyp	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [μmol/g]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	TKG [g]	Höhe [cm]	WF	BB	Lager
MxJ401	42,3	10,0	19,7	44,6	3643,5	7,7	6,0	150,8	2,2	115,8	1,5
MxJ408	42,7	17,7	19,7	51,5	3562,4	7,6	5,5	143,0	2,2	115,9	1,6
MxJ410	41,6	21,0	20,5	57,2	3407,6	7,8	5,6	129,2	5,3	114,8	1,5
MxJ45	41,8	17,0	19,8	54,7	3442,2	7,6	5,2	144,0	3,8	118,0	1,5
MxK199.16.2	44,0	19,4	20,7	56,8	3389,6	7,7	5,3	145,0	2,7	120,0	1,5
MxMOL1	41,5	10,4	20,6	65,3	3634,6	8,0	5,6	150,8	1,5	117,3	1,5
MxMOL2	40,6	8,0	21,6	66,6	3687,3	7,2	6,0	165,8	1,0	119,0	1,5
MxMOY2	43,5	8,1	19,5	37,2	3692,8	7,8	5,3	147,3	2,3	117,5	1,5
MxMOY4	44,0	5,6	18,4	39,5	3779,4	7,8	5,3	148,6	1,9	116,6	1,5
MxMOY5	41,2	15,7	21,7	67,3	3421,3	6,8	7,8	151,1	2,5	118,0	-
MxMOY6	37,5	20,7	23,7	94,7	3302,7	6,5	5,8	-	-	-	-
MxOLL1	42,6	8,7	19,8	33,8	3634,7	8,1	5,9	141,7	2,2	113,5	1,5
MxOLY2	42,4	6,8	20,2	47,9	3653,3	7,3	4,9	148,0	4,3	117,9	-
MxR53	44,9	19,5	19,9	41,9	3439,0	7,8	5,4	151,5	1,5	117,8	1,5
MxR99	44,2	6,9	18,9	37,0	3741,2	7,7	5,0	146,5	1,3	117,6	1,5
MxRS10/7	43,2	18,9	20,8	67,8	3496,9	7,4	6,1	140,8	2,2	118,3	1,5
MxRS13/6	43,6	17,3	20,2	55,5	3327,9	7,2	6,1	140,8	2,5	109,0	1,5
MxRS4/2	43,6	18,7	20,3	52,0	3403,2	7,7	5,5	155,0	3,0	118,3	1,5
MxRS4/6	44,2	15,9	20,4	45,7	3481,0	7,1	5,4	154,2	2,0	115,5	1,5
MxRS7/6	45,3	16,4	19,0	37,1	3539,7	7,3	5,5	145,8	1,7	114,0	1,5
MxRS8/6	44,7	19,9	19,8	49,8	3380,2	7,9	5,7	164,2	2,3	118,8	1,5
MxRUY1	40,1	16,5	21,9	71,7	3539,4	6,9	6,8	139,4	1,5	117,3	1,6
MxS108.1.1	42,3	6,8	19,9	45,6	3669,9	7,9	5,6	144,8	1,3	112,5	1,5
MxS13	44,9	21,4	19,5	65,9	3444,0	7,5	5,3	148,3	1,3	117,3	1,5
MxS228.8.1	42,7	11,5	20,4	53,8	3605,6	7,7	5,4	150,1	2,5	117,1	1,5

^aberechnet als Sinapinsäureäquivalente

Tab.3-10: Agronomische Merkmale der Testhybriden aus dem 4-ortigen Beobachtungsanbau (Fortsetzung)

Genotyp	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [μmol/g]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	TKG [g]	Höhe [cm]	WF	BB	Lager
MxS237.20.1	42,5	19,9	20,5	53,1	3488,0	8,1	5,5	140,8	2,2	118,0	1,5
MxS45.2.2	42,5	11,5	21,0	52,8	3648,1	8,1	5,3	141,7	2,7	113,5	1,5
MxVIL1	42,3	8,6	19,9	47,6	3681,4	8,0	6,2	144,2	1,3	117,3	1,5
RxB1/3.3	43,2	6,1	18,9	51,4	3776,4	7,9	5,6	158,5	1,7	117,4	1,5
RxBOY1	41,6	17,9	20,1	63,2	3514,2	7,4	6,2	141,9	1,5	119,1	1,6
RxG39	42,0	4,9	19,5	47,0	3827,1	8,6	5,4	157,5	1,8	118,8	1,5
RxG50	43,9	0,1	17,7	39,7	4016,5	8,7	5,2	146,7	1,5	119,0	1,5
RxH149	43,7	18,6	18,8	50,3	3495,5	7,5	5,1	157,5	1,7	114,8	1,5
RxH165	42,7	11,0	19,6	38,9	3658,0	7,5	4,9	138,3	3,2	119,5	2,0
RxH176	43,1	11,9	19,6	35,3	3686,8	7,2	6,0	147,5	1,3	118,3	1,5
RxH355	42,1	15,6	20,5	52,7	3474,9	8,3	5,7	142,5	1,7	117,8	1,5
RxH44	44,3	18,7	19,8	36,1	3518,2	7,2	5,9	146,7	1,5	114,3	1,5
RxINL1	41,0	7,5	20,2	39,8	3754,9	7,6	6,5	162,5	1,5	118,3	1,5
RxINL2	41,4	8,0	20,5	51,4	3667,9	8,1	5,9	154,2	1,3	116,5	1,5
RxINY1	42,5	4,4	19,3	39,0	3820,9	7,8	5,6	153,1	1,1	-	1,4
RxJ104	41,8	13,9	19,0	41,9	3728,3	8,1	5,5	123,5	5,2	119,9	1,4
RxJ112	40,9	17,6	20,2	59,8	3381,2	7,8	6,3	140,7	3,6	118,8	1,5
RxJ134	42,9	9,2	18,6	34,2	3656,8	7,9	5,6	131,7	2,2	116,5	2,5
RxJ154	41,6	12,1	19,9	53,2	3615,4	8,1	6,4	144,2	1,7	114,5	1,5
RxJ161	41,2	16,1	20,3	49,1	3393,6	7,7	4,9	131,9	1,2	118,4	2,5
RxJ166	40,3	12,4	20,7	53,8	3563,9	8,0	6,3	135,2	3,9	117,2	1,5
RxJ32	41,2	16,5	19,3	49,8	3512,6	8,2	5,5	144,4	1,5	118,1	1,6
RxJ400	41,8	11,9	19,0	41,9	3614,4	7,9	6,2	141,7	3,2	117,2	1,5
RxJ408	40,7	15,7	20,6	51,3	3481,2	7,8	5,6	133,0	3,8	116,0	1,5
RxJ410	42,2	15,4	18,9	49,4	3652,8	8,0	5,6	135,0	3,3	117,8	1,5

63

^aberechnet als Sinapinsäureäquivalente

Tab.3-10: Agronomische Merkmale der Testhybriden aus dem 4-ortigen Beobachtungsanbau (Fortsetzung)

Genotyp	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [μ mol/g]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	TKG [g]	Höhe [cm]	WF	BB	Lager
RxJ45	42,5	14,0	18,7	51,5	3945,0	8,0	5,1	146,7	2,2	118,5	1,5
RxK160.1.1	42,7	7,5	19,2	40,8	3743,9	8,2	5,7	156,2	1,7	116,5	1,6
RxMAY1	41,6	6,2	19,5	66,3	3850,4	7,9	6,9	-	-	-	-
RxMOL1	40,9	4,7	20,4	55,0	3748,9	8,3	5,6	162,2	1,7	117,8	1,6
RxMOL2	40,0	7,3	21,3	61,3	3789,4	7,5	6,0	149,8	0,9	119,1	1,5
RxMOY5	44,5	9,0	18,2	50,5	3740,0	8,6	4,9	-	-	-	-
RxOLL1	41,5	7,1	19,8	37,1	3643,4	8,4	6,4	148,3	2,3	116,0	1,5
RxR53	43,7	19,3	20,0	41,9	3419,1	7,9	5,6	150,0	1,3	118,5	1,5
RxR76	41,4	12,7	20,5	54,8	3601,8	7,1	5,7	144,1	1,2	-	1,4
RxR99	44,3	4,2	17,8	33,5	3847,9	7,8	5,2	151,7	0,8	117,3	1,5
RxRS10/7	42,8	12,1	19,7	56,0	3709,9	7,7	6,2	145,8	1,3	118,0	1,5
RxRS13/6	42,4	15,3	20,1	51,4	3495,1	7,6	6,0	143,3	2,2	116,0	1,5
RxRS4/2	43,5	13,0	18,6	42,2	3685,5	7,8	5,2	164,7	1,2	118,2	1,5
RxRS7/6	44,1	17,6	19,1	37,8	3596,0	7,5	5,8	150,0	1,5	114,3	1,5
RxRS8/6	42,7	6,5	19,2	37,4	3826,6	8,6	5,9	158,5	1,0	118,9	1,5
RxS108.1.1	41,6	3,8	19,8	44,8	3762,5	7,9	5,9	144,2	1,0	110,0	1,5
RxS13	44,8	19,0	17,9	62,0	3571,9	7,6	5,5	149,2	1,2	117,0	1,5
RxS45.2.2	42,2	7,4	20,1	39,6	3700,7	7,8	5,2	138,3	1,5	117,5	1,5
RxVIL1	42,5	3,2	19,1	34,0	3894,5	7,9	6,0	147,5	1,0	116,9	1,5
MSL 007	44,4	0,0	19,1	23,0	3990,1	7,8	5,5	135,8	0,8	119,5	1,5
Tester Syngenta	43,0	0,7	19,0	25,1	3974,5	7,7	6,1	144,2	1,0	125,1	3,0
Visby	44,1	0,0	17,4	19,5	4219,3	8,3	6,1	140,8	1,0	118,3	1,5
LSD (p = 0,05)	1,3	4,6	1,2	9,3	149,7	0,5	0,6	13,5	2,2	2,8	0,8
Min.	37,5	0,0	17,4	19,5	3302,7	6,3	4,9	123,5	0,8	109,0	1,4
Max.	45,3	22,2	23,8	94,7	4219,3	8,7	10,9	166,7	5,3	125,1	3,0
MW Testhybriden	42,4	12,7	20,0	51,6	3600,5	7,7	5,9	146,3	2,1	117,0	1,6
MW Standards	43,8	0,2	18,5	22,5	4061,3	7,9	5,9	140,3	0,9	120,9	2,0

^aberechnet als Sinapinsäureäquivalente

So ist der Phytosterolgehalt der Testhybriden im Mittel gut 450 mg/kg geringer als der der Standards, während der Proteingehalt bei den Testhybriden mit 20% leicht höher liegt.

Tab. 3-11: Ergebnisse der ANOVA für den 4-ortigen Beobachtungsanbau der Testhybriden, gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

	Varianzursache ^a	Genotyp	Ort	GxO	Fehler ^b	h ²
	TKG	0,73**	0,23**	0,21**	0,09	0,93
	Wuchshöhe	56,69**	23,62**	69,52**	33,28	0,71
	Blühbeginn	4,59**	2,22**	1,91**	0,81	0,83
	Winterfestigkeit	0,77**	1,63**	1,78**	0,58	0,56
	ÖL	1,99**	4,30**	0,91**	0,58	0,90
	C22:1	32,84**	0,57**	11,04**	4,73	0,92
	Protein	1,13**	4,57**	0,78**	0,50	0,85
	Glucosinolate	177,72**	28,84**	44,70**	18,99	0,94
Phytosterole	Brassicasterol	363,41**	525,80**	174,80**	119,61	0,89
	Camosterol	5918,32**	2098,23**	2366,42**	1558,15	0,91
	Stigmasterol	0,08**	0,13**	0,03**	0,02	0,89
	Sitosterol	5583,65**	437,26**	1937,53**	1296,42	0,92
	Avenasterol	128,59**	141,25**	68,10**	37,06	0,88
	Phytosterol gesamt	29799,15**	3580,27**	11543,88**	7600,75	0,91
Sinapoyl	Sinapoylglucose	0,37**	0,08**	0,12**	0,09	0,93
	Sinapin	0,39**	0,20**	0,13**	0,12	0,92
	andere SE^c	0,07**	0,02**	0,02 ⁺	0,02	0,92
	Sinapinsäure gesamt	0,15**	0,02**	0,12	0,13	0,83

^aGxO = Interaktion zwischen Genotyp und Ort, h² = Heritabilität; ^b Fehler geschätzt aus 4 Orten mit je 2 Wiederholungen; ^c SE = Sinapinsäureester; +, *, ** signifikant bei p = 0,1, p = 0,05 bzw. bei p = 0,01

Für die Samenproben der Testhybriden vom Standort Göttingen wurden zusätzlich zu den NIRS-Analysen GC-Analysen der Fettsäuremuster und HPLC-Analysen des Glucosinolatgehaltes und -musters durchgeführt. Um möglichst viele der Testhybriden charakterisieren zu können, wurden von einigen weiteren Genotypen, von denen keine Samenproben vom Standort Göttingen zur Verfügung standen, Proben vom Standort Einbeck mit in die Analysen einbezogen. Die Ergebnisse dieser Genotypen sind natürlich nicht direkt mit den übrigen Genotypen vergleichbar, sie sind daher in den Ergebnisdarstellungen gekennzeichnet und sind nicht mit in die statistische Auswertung der Teilversuche eingeflossen. Die Ergebnisse der GC- Analyse der Fettsäuremuster sind in Tabelle 3-12 dargestellt.

Tab. 3-12: Ergebnisse der GC-Analyse der Fettsäuremuster für die Samenproben aus dem Beobachtungsanbau der Testhybriden in Göttingen

Genotyp	16:0	16:1	16:2	18:0	18:1	18:2	18:3	20:0	20:1	22:0	22:1
MxB1/3.3	4,7	0,2	0,0	1,3	51,0	15,5	10,0	0,5	8,8	0,2	7,7
MxBOY1	4,4	0,4	0,1	1,7	35,5	18,4	9,9	0,5	9,2	0,6	18,6
MxCRL1	4,6	0,2	0,0	1,2	42,3	16,7	11,1	0,4	11,7	0,2	11,6
MxCRY2	4,0	0,3	0,0	1,8	36,5	17,8	8,7	0,7	11,4	0,5	17,5
MxFS94.3	5,2	0,1	0,0	1,5	53,8	15,4	9,7	0,4	6,9	0,2	6,7
MxG39	4,9	0,2	0,0	1,0	42,3	20,2	10,3	0,4	11,7	0,3	8,6
MxG50	4,8	0,2	0,0	1,5	59,2	19,3	10,7	0,4	2,5	0,1	1,3
MxH149	4,9	0,2	0,0	1,0	32,6	16,7	10,7	0,4	12,4	0,3	20,1
MxH165	4,9	0,2	0,0	1,0	42,5	19,9	9,6	0,4	11,1	0,3	10,1
MxH176	5,0	0,1	0,0	1,0	40,1	18,1	11,2	0,5	10,6	0,3	13,0
MxH355	4,0	0,3	0,7	1,4	31,7	15,6	11,8	0,6	13,3	0,3	20,4
xH44	4,3	0,1	0,0	1,0	33,1	16,9	9,5	0,4	13,5	0,3	20,9
MxHIY1	4,1	0,3	0,1	1,5	34,8	18,2	8,7	0,6	11,7	0,6	18,7
MxINL1	4,6	0,3	0,1	1,7	45,1	20,2	11,1	0,5	8,3	0,4	7,5
MxINL2	4,8	0,1	0,2	1,4	44,7	19,8	11,0	0,4	8,6	0,4	8,3
MxINY1	5,0	0,2	0,1	1,7	50,8	20,0	11,0	0,4	4,1	0,3	6,0
MxINY3	4,1	0,3	1,0	1,4	36,6	16,8	9,6	0,7	10,9	0,2	17,6
MxISY1	6,0	0,3	0,2	1,8	34,2	20,4	10,8	0,6	9,8	0,6	14,8
MxJ104	4,7	0,1	0,0	1,1	32,7	18,1	9,8	0,4	10,7	0,3	21,7
MxJ134	4,5	0,2	0,0	1,0	45,8	18,0	9,3	0,3	10,9	0,2	9,5
MxJ154	5,9	0,3	0,2	1,5	39,2	18,8	10,6	0,5	10,0	0,4	11,8
MxJ161	5,0	0,2	0,0	2,8	30,3	17,5	10,2	1,1	10,9	1,5	20,3
MxJ32	5,0	0,0	0,2	1,4	43,6	18,8	11,1	0,4	8,9	0,3	9,9
MxJ400	5,1	0,2	0,0	1,0	28,1	19,0	10,7	0,4	11,7	0,5	22,6
MxJ401	4,8	0,2	0,0	1,0	41,6	17,7	10,0	0,3	11,9	0,2	12,2
MxJ408	5,2	0,2	0,0	1,1	34,0	17,9	9,7	0,3	9,2	0,3	18,6
MxJ410	4,6	0,1	0,0	1,1	26,4	17,6	10,9	0,5	12,6	0,2	25,8
MxJ45	4,6	0,1	0,0	1,0	26,2	18,5	10,0	0,4	11,9	0,3	26,4
MxK160.1.1	5,0	0,2	0,0	0,9	35,2	15,5	11,6	0,4	13,0	0,2	17,8
MxK199.16.2	4,7	0,1	0,0	0,9	32,5	15,9	10,9	0,5	13,3	0,2	20,8
MxMAY1	4,6	0,3	0,1	1,9	37,2	18,4	8,8	0,6	11,0	0,5	16,1
MxMOL1	5,0	0,3	0,2	1,6	40,0	19,6	11,1	0,5	10,5	0,3	10,5
MxMOL2	4,5	0,3	0,2	1,5	43,9	21,1	11,5	0,4	9,1	0,4	7,0
MxMOY1	4,3	0,4	0,1	2,1	35,2	19,6	9,3	0,6	10,5	0,6	15,6
MxMOY4	4,7	0,3	0,1	1,5	51,6	19,6	11,1	0,5	4,3	0,2	5,6
MxMOY5	4,6	0,1	0,0	1,2	43,0	19,7	9,0	0,4	8,3	0,2	13,2
MxOLL1	5,1	0,0	0,2	1,4	43,0	19,1	11,5	0,4	9,8	0,4	8,8
MxOLY1	5,5	0,3	0,2	1,5	37,0	21,0	10,3	0,5	9,6	0,4	13,0
MxOLY2	4,7	0,2	0,1	1,8	46,8	19,6	9,5	0,5	9,5	0,3	6,7
MxR53	4,3	0,2	0,0	0,9	35,1	15,0	10,8	0,4	13,2	0,2	19,8
MxR76	4,0	0,3	0,3	1,3	32,3	17,7	10,8	0,6	12,7	0,3	18,9
MxR99	5,1	0,2	0,0	1,4	54,8	15,5	9,9	0,4	6,9	0,2	5,6
MxRS10/7	4,2	0,1	0,0	0,8	35,7	17,1	11,1	0,4	10,2	0,2	19,9

Tab. 3-12: Ergebnisse der GC-Analyse der Fettsäuremuster für die Samenproben aus dem Beobachtungsanbau der Testhybriden in Göttingen (Fortsetzung)

Genotyp	16:0	16:1	16:2	18:0	18:1	18:2	18:3	20:0	20:1	22:0	22:1
MxRS13/6	4,5	0,2	0,0	1,0	39,9	14,5	8,6	0,5	12,3	0,2	18,4
MxRS4/2	5,3	0,2	0,0	1,1	46,6	15,7	10,4	0,5	8,6	0,2	11,1
MxRS4/6	4,4	0,2	0,0	0,9	38,2	18,3	11,3	0,5	10,2	0,2	15,6
MxRS7/6	4,5	0,2	0,9	1,4	31,5	16,7	11,1	0,6	12,8	0,4	19,9
MxRS8/6	4,7	0,3	0,2	1,2	28,4	19,3	9,7	0,5	12,3	0,5	22,0
MxS108.1.1	5,1	0,1	0,0	1,4	56,7	14,9	9,8	0,5	6,4	0,3	4,3
MxS13	5,0	0,2	0,0	0,8	29,6	14,9	11,3	0,4	16,1	0,2	21,1
MxS228.8.1	5,2	0,2	0,0	1,5	53,0	15,6	9,6	0,4	7,0	0,2	7,3
MxS237.20.1	4,7	0,3	0,2	1,4	44,1	19,7	10,5	0,6	10,1	0,2	7,4
MxS39	4,6	0,2	0,0	1,0	44,2	14,0	11,1	0,5	11,9	0,3	12,2
MxS45.2.2	4,5	0,3	0,2	1,3	33,8	16,6	11,6	0,5	11,5	0,4	18,8
MxVIL1	5,0	0,1	0,2	1,4	42,8	19,4	10,8	0,4	9,6	0,3	9,5
RxB1/3.3	4,6	0,3	0,4	1,3	47,5	18,4	12,0	0,6	10,8	0,2	7,1
RxBOY1	5,1	0,2	0,2	2,8	45,4	17,9	10,8	0,5	6,3	0,2	9,6
RxCRL1	5,6	0,2	0,0	1,1	50,0	14,4	13,5	0,2	5,2	0,3	9,3
RxCRY2	4,9	0,2	0,1	1,6	41,1	16,7	11,0	0,5	10,9	0,2	12,2
RxG39	5,3	0,2	0,0	1,1	45,8	17,8	11,5	0,4	9,8	0,3	7,9
RxG50	5,6	0,2	0,0	1,3	55,9	20,8	12,1	0,4	2,1	0,3	1,3
RxH149	5,3	0,2	0,0	1,1	36,3	15,5	10,3	0,3	12,8	0,2	17,9
RxH165	5,2	0,2	0,0	1,5	39,5	18,8	10,4	0,5	11,9	0,4	11,2
RxH176	6,0	0,2	0,0	0,9	38,6	18,1	12,5	0,3	10,7	0,3	12,4
RxH355	4,4	0,3	0,2	1,4	37,3	16,6	11,5	0,5	11,1	0,6	15,5
RxH44	4,7	0,1	0,0	1,3	40,0	15,9	11,9	0,4	10,2	0,3	13,9
RxINL1	5,5	0,2	0,0	0,9	44,6	18,4	11,9	0,3	8,9	0,3	8,9
RxINL2	5,0	0,2	0,1	1,6	46,5	19,2	10,6	0,5	8,2	0,2	7,5
RxINY3	4,1	0,3	0,1	1,6	30,8	16,0	10,5	0,6	12,6	0,4	22,4
RxJ104	5,8	0,2	0,2	1,5	30,9	17,2	10,4	0,6	11,7	0,5	20,6
RxJ112	4,9	0,1	0,2	1,4	30,6	17,6	10,4	0,6	12,3	0,4	20,8
RxJ134	5,0	0,1	0,2	1,6	45,0	17,5	10,9	0,5	10,3	0,2	8,3
RxJ154	5,6	0,1	0,2	1,3	36,8	19,3	11,6	0,4	10,5	0,3	13,3
RxJ161	5,2	0,1	0,2	1,2	41,9	17,9	11,2	0,5	8,8	0,3	12,6
RxJ166	5,0	0,2	0,1	1,4	54,9	17,1	8,6	0,5	4,6	0,2	7,6
RxJ400	5,1	0,1	0,0	1,0	30,0	18,3	10,0	0,5	13,3	0,3	21,2
RxJ401	5,1	0,2	0,0	1,2	43,3	18,2	11,2	0,3	10,1	0,3	9,9
RxJ408	5,0	0,2	0,0	1,2	33,9	17,1	9,8	0,4	11,7	0,2	20,3
RxJ410	5,8	0,1	0,0	1,0	51,4	18,2	10,3	0,4	5,6	0,2	7,1
RxK160.1.1	5,2	0,2	0,0	1,0	48,3	16,8	11,6	0,3	6,9	0,2	9,3
RxMOL1	4,9	0,2	0,1	1,8	47,7	19,0	10,2	0,5	8,7	0,2	6,3
RxMOL2	4,8	0,6	0,0	2,7	65,2	8,6	6,3	1,2	5,6	0,7	4,2
RxMOY2	4,3	0,2	0,2	1,6	33,7	16,8	9,6	0,6	12,4	0,3	19,6
RxOLL1	4,8	0,1	0,0	1,1	48,0	17,7	10,7	0,4	8,9	0,2	7,9
RxR53	4,7	0,2	0,0	1,0	35,4	13,9	12,0	0,3	14,2	0,3	18,0
RxR99	5,2	0,2	0,0	1,2	51,8	16,6	10,6	0,3	7,8	0,2	6,0

Tab. 3-12: Ergebnisse der GC-Analyse der Fettsäuremuster für die Samenproben aus dem Beobachtungsanbau der Testhybriden in Göttingen (Fortsetzung)

Genotyp	16:0	16:1	16:2	18:0	18:1	18:2	18:3	20:0	20:1	22:0	22:1
RxRS10/7	5,2	0,2	0,0	0,9	49,3	18,0	11,5	0,3	5,1	0,3	9,4
RxRS13/6	4,8	0,2	0,0	1,0	37,3	15,9	11,1	0,4	12,2	0,3	16,7
RxRS4/2	5,0	0,1	0,0	1,1	53,1	17,4	11,0	0,4	5,5	0,2	6,2
RxRS7/6	4,4	0,3	0,1	1,5	29,8	16,5	11,3	0,6	13,3	0,5	21,1
RxRS8/6	4,9	0,2	0,1	1,4	45,2	18,6	11,7	0,5	8,4	0,5	8,0
RxS108.1.	4,7	0,3	0,3	1,6	52,2	16,2	11,4	0,5	6,2	0,3	5,9
RxS13	5,3	0,3	0,2	1,1	27,6	15,8	12,1	0,5	14,2	0,6	21,1
RxS237.20.1	5,3	0,3	0,1	1,5	55,2	19,2	11,3	0,5	2,9	0,3	3,0
RxS45.2.2	5,0	0,4	0,3	1,5	45,8	18,2	12,1	0,5	7,5	0,4	8,0
Tester Syngenta	4,7	0,3	0,2	1,4	57,0	19,8	10,4	0,5	2,6	0,2	2,3
MSL007	4,6	0,3	0,2	1,6	60,4	19,1	10,1	0,5	2,0	0,1	0,7
Visby	4,8	0,3	0,2	1,4	59,3	21,3	10,4	0,5	1,2	0,2	0,2
LSD (p = 0,05)	0,6	0,1	0,1	0,3	6,5	1,8	1,1	0,1	2,8	0,2	4,6
Min.	4,0	0,0	0,0	0,8	26,2	8,6	6,3	0,2	1,2	0,1	0,2
Max.	6,0	0,6	1,0	2,8	65,2	21,3	13,5	1,2	16,1	1,5	26,4
MW Resynthesen	4,9	0,2	0,1	1,3	41,2	17,6	10,6	0,5	9,8	0,3	13,1
MW Standards	4,7	0,3	0,2	1,5	58,9	20,1	10,3	0,5	1,9	0,2	1,1
MxJ166 ¹	6,7	0	0	1,39	34,1	22,5	11,2	0,5	8,6	0,3	14,6
RxVIL1 ¹	4,6	0,2	0	1,49	47,6	20,0	10,1	0,5	7,7	0,21	7,1

¹Ergebnisse für diese Resynthesen stammen vom Standort Einbeck und wurden daher nicht zusammen mit den übrigen aufgeführten Resynthesen vom Standort Göttingen verrechnet.

Wie aus der Varianzanalyse (Tab.3-13) ersichtlich, gibt es für die einzelnen Fettsäuren hochsignifikante genotypische Variationen und auch die Heritabilitäten erreichen hohe bis sehr hohe Werte. Besonders große Spannbreiten lassen sich für die Merkmale Ölsäure (C 18:1), Linolsäure (C 18:2), Linolensäure (C 18:3), Icosensäure (C 20:1) und Erucasäure (C 22:1) beobachten. Der Ölsäuregehalt der Testhybriden reicht von 26,2% (,MSL 007 x J 45') bis 65,2% (,RNX 4621 x MOL 2'). Im Mittel liegt er bei 41,2%. Bei den drei Standards liegt der mittlere Ölsäuregehalt bei 58,9 %. Der Linolsäuregehalt liegt bei den Testhybriden im Mittel bei 17,6% und damit etwas niedriger als bei den Standards (20,1%). Auffallend ist hier der Genotyp ,RNX 4621 x MOL 2', der mit 8,6% einen sehr geringen Gehalt aufweist. Auch beim Linolensäuregehalt weist diese Testhybride mit 6,3% den geringsten Gehalt auf. Im Mittel liegt der Linolensäuregehalt bei den Testhybriden bei 10,6% und bei den Standards bei 10,3%. Icosensäure und Erucasäure sind in den Standards nur in Spuren enthalten (1,9% bzw. 1,2% im Mittel). Bei den Testhybriden reicht die Variationsbreite für Icosensäure von 2,5%

(,MSL 007 x G 50') bis 16,1% (,MSL 007 x S 13') und bei Erucasäure von 1,3% (,MSL 007 x G 50') bis 26,4% (,MSL 007 x J 45'). Im Mittel liegt der Wert für Icosensäure bei den Testhybriden bei 9,8% und der für Erucasäure bei 13,1%.

Tab. 3-13: Ergebnisse der ANOVA für die GC-Analyse der Fettsäuren der Resynthesen vom Standort Göttingen. Gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

Varianzursache ^a	Genotyp	Wdh.	GxW	h ²
16:0 Palmitinsäure	0,15**	0,00	0,09	0,78
16:1 Palmitoleinsäure	0,01**	0,00	0,00	0,95
16:2	0,03**	0,00	0,00	0,98
18:0 Stearinsäure	0,13**	0,00	0,03	0,91
18:1 Ölsäure	72,63**	0,89**	10,77	0,93
18:2 Linolsäure	3,32**	0,04*	0,82	0,89
18:3 Linolensäure	0,90**	0,01*	0,30	0,86
20:0 Arachinsäure	0,02**	0,00	0,00	0,91
20:1 Icosensäure	8,62**	-0,02	2,00	0,90
22:0 Behensäure	0,03**	0,00 ⁺	0,01	0,91
22:1 Erucasäure	37,71**	0,23*	5,45	0,93

^aWdh. = Wiederholung, GxW = Interaktion zwischen Genotyp und Wiederholung, h² = Heritabilität; **, *, ⁺ signifikant bei p = 0,01, p = 0,05 bzw. p = 0,1

In den HPLC-Analysen der Glucosinolate der Testhybriden konnten, wie bei den Untersuchungen der Resynthesen, zwölf unterschiedliche Glucosinolate nachgewiesen werden. In der Varianzanalyse (Tab. 3-14) zeigte sich für alle einzelnen Glucosinolate sowie für den Gesamtglucosinolatgehalt eine hochsignifikante genotypische Variation. Der Gesamtglucosinolatgehalt und die Glucosinolatgehalte der Testhybriden sind in Abb. 3-6 für die MSL 007-Hybriden und in Abb. 3-7 für die RNX 4621-Hybriden graphisch dargestellt. Die genauen Einzelwerte sind aus Tabelle XIII im Anhang ersichtlich. Die Spannweite des Gesamtglucosinolatgehaltes der Testhybriden reicht von 29,1 µmol/g (,MSL 007 x INY 1') bis 142,4 µmol/g (,MSL 007 x MAY 1'). Im Mittel liegt er bei 61,8 µmol/g. Teilt man die Testhybriden nach ihren Testern ein, so liegt der Mittelwert bei den ,RNX'-Hybriden mit 53,1 µmol/g etwa 14 µmol niedriger als der der ,MSL'-Hybriden. Die Standards weisen einen durchschnittlichen Glucosinolatgehalt von 22,5 µmol/g auf. Die höchsten Glucosinolatgehalte werden mit wenigen Ausnahmen bei Testhybriden mit Wild-Resynthesen beobachtet. Betrachtet man die Glucosinolatmuster, so zeigt sich, dass das Hauptglucosinolat

bei fast allen Testhybriden und den Standards Progoitrin (PRO) mit Anteilen von 30,8% bis 76,2% des Gesamtglucosinolatgehaltes ist.

Tab. 3-14: Ergebnisse der ANOVA für die HPLC-Analyse der Samenglucosinolatgehalte und -muster für die Testhybriden aus dem Beobachtungsanbau am Standort Göttingen. Gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

Varianzursache ^a	Genotyp	Wdh.	GxW	h ²
Progoitrin (PRO)	153,8497**	1,5082*	30,5043	0,91
Sinigrin (SIN)	4,1887**	-0,0096	1,3277	0,86
Gluconapoleiferin (GNL)	1,0004 **	-0,0050	0,5673	0,78
Glucoraphanin (RAA)	0,1192**	-0,0001	0,0897	0,73
Glucoraphenin (RAE)	0,4928**	-0,0003	0,0847	0,92
Gluconapin (GNA)	94,8322**	0,3990 ⁺	16,6854	0,92
4-Hydroxiglucobrassicin (4OH)	1,1525**	-0,0012	0,7428	0,76
Glucobrassicinapin (GBN)	3,2675**	-0,0062	0,6392	0,91
Glucobrassicin (GBC)	0,0572**	0,0000	0,0120	0,91
Gluconasturtiin (NAS)	0,1679**	0,0001	0,0464	0,88
4-Methoxyglucobrassicin (4ME)	0,0024**	0,0000	0,0028	0,63
Neoglucobrassicin (NEO)	0,0565**	0,0000	0,0006	0,99
GSL_{gesamt}	471,1816**	3,7257*	79,0937	0,92

^aWdh. = Wiederholung, GxW = Interaktion zwischen Genotyp und Wiederholung, h² = Heritabilität; **, *, ⁺ signifikant bei p = 0,01, p = 0,05 bzw. p = 0,1

Ausnahmen bilden die Testhybriden ‚MSL 007 x OLY 2‘, ‚MSL 007 x RS 7/6‘, ‚MSL 007 x VIL 1‘, ‚RNX 4621 x INY 3‘, ‚RNX 4621 x J 400‘ und ‚RNX 4621 x MOY 2‘ bei denen Gluconapin (GNA) das Hauptglucosinolat mit Anteilen zwischen 38,6% und 48,6% stellt. Auch eine ganze Reihe weiterer Testhybriden, insbesondere solche, die mit Wild-Resynthesen erstellt wurden, weisen hohe GNA-Gehalte auf. Insgesamt reicht die Spanne für GNA von 4,1% (‚RNX 4621 x BOY 1‘) bis 48,6% (‚MSL 007 x OLY 2‘). Für 4-Hydroxiglucobrassicin (4OH) reicht die Variationsbreite von 2,8% für ‚RNX 4621 x MOY 2‘ bis 27,8% für den Standard ‚MSL 007‘. Der Mittelwert der Standards liegt hier mit 26,6% deutlich über dem der Testhybriden (10,8%). Die übrigen Glucosinolate treten nur in geringeren Prozentanteilen von < 10% auf. Lediglich bei Glucobrassicinapin (GBN) lassen sich einige wenige Genotypen mit etwas höheren Anteilen beobachten. Bei diesen handelt es sich mit Ausnahme der ‚MSL‘- und der ‚RNX‘-Kreuzung mit der Resynthese ‚G 50‘ um Kreuzungen mit verschiedenen Wild-Resynthesen.

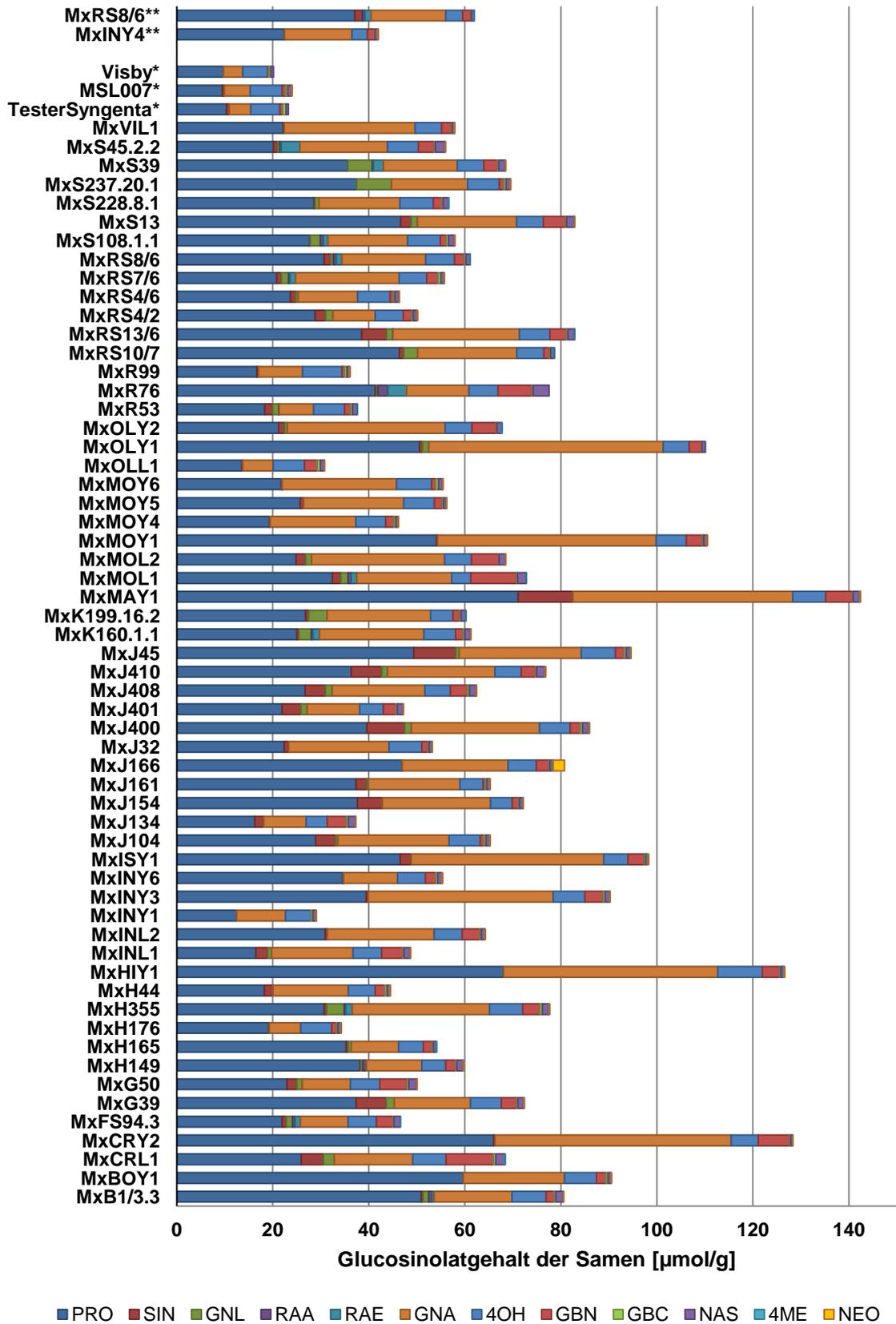


Abb. 3-6: Samenglucosinolatgehalt und –Muster der ‚MSL‘-Testhybriden des Beobachtungsanbaus am Standort Göttingen; * = Standards, ** = Samenproben vom Standort Einbeck

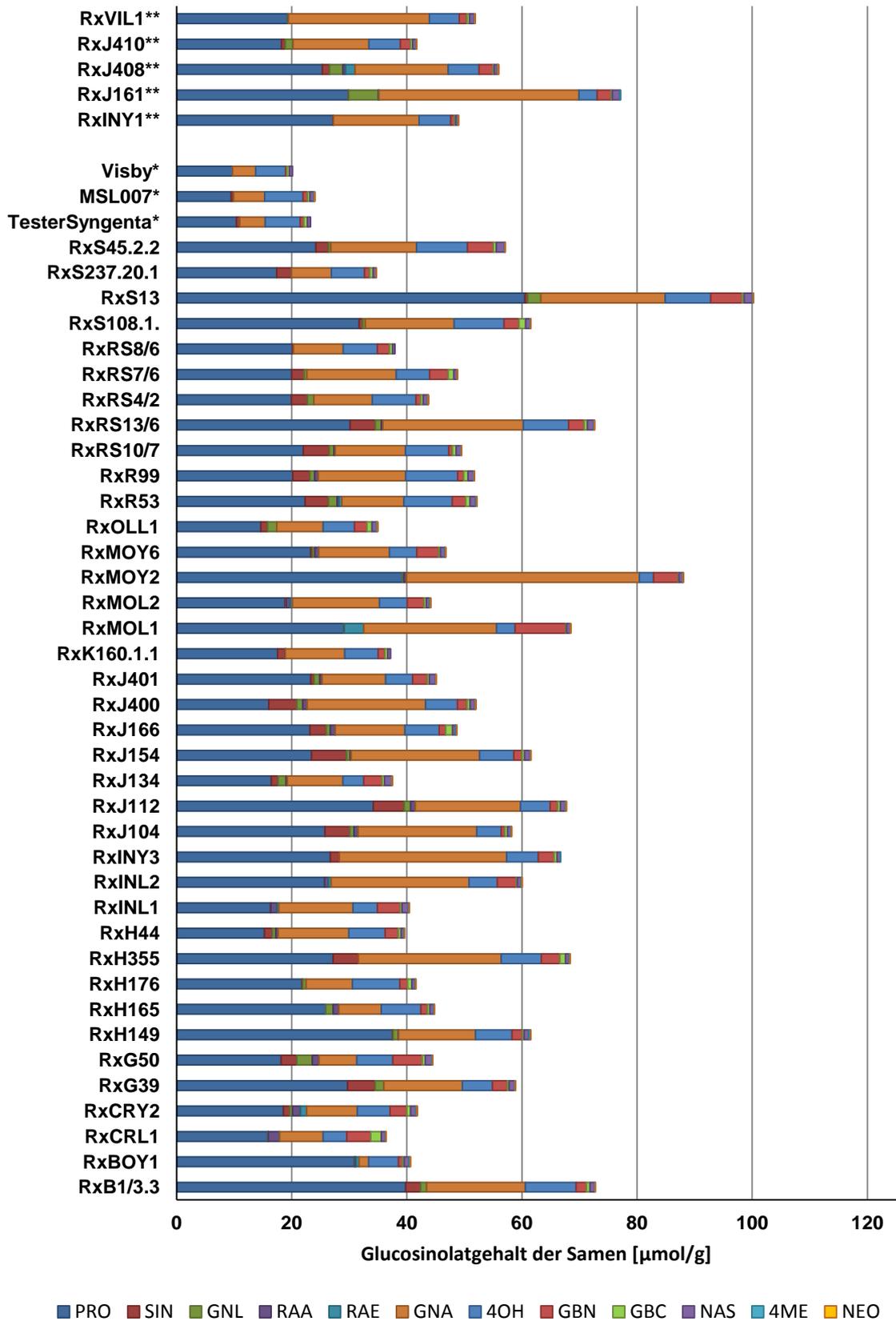


Abb. 3-7: Samenglucosinolatgehalt und –Muster der ‚RNX‘-Testhybriden Standort Göttingen; * = Standards, ** = Samenproben vom Standort Einbeck

3.4.3 Leistungsprüfungen

Für 18 ‚MSL‘-Hybriden und 21 ‚RNX‘-Hybriden konnte zusammen mit drei Standards (insgesamt 42 Prüfglieder) eine 9-ortige Leistungsprüfung durchgeführt werden. Weitere 12 ‚MSL‘-Hybriden und 13 ‚RNX‘-Hybriden konnten nur an vier der neun Standorte geprüft werden, so dass an diesen vier Standorten insgesamt 67 Prüfglieder vorhanden waren. Eine Gegenüberstellung der Ergebnisse für die 4-ortigen und 9-ortigen Leistungsprüfungen bezüglich der Parameter Ertrag und Ölgehalt ist in Tabelle 3-15 zu finden.

Tab. 3-15: Ergebnisse der 4-ortigen und 9-ortigen Leistungsprüfungen der Testhybriden für die Parameter Ertrag und Ölgehalt

Genotypen	Mittelwerte über 4 Orte		Mittelwerte über 9 Orte	
	Ertrag [dt/ha]	Ölgehalt [%]	Ertrag [dt/ha]	Ölgehalt [%]
MxB1/3.3	38,6	44,1	40,5	43,8
MxBOY1	31,6	42,4	-	-
MxFS94.3	41,6	43,2	41,7	42,8
MxG39	37,8	42,2	37,9	42,4
MxG50	41,9	43,8	41,7	43,8
MxH149	45,0	45,5	46,6	45,1
MxH165	37,7	44,0	39,2	44,1
MxH176	47,1	45,6	49,5	45,4
MxH44	41,7	45,1	44,2	44,5
MxINL2	34,4	41,5	-	-
MxJ134	39,5	43,1	-	-
MxJ154	33,8	42,3	35,8	42,3
MxJ161	34,4	44,2	33,2	43,6
MxJ166	30,4	41,0	-	-
MxJ32	38,3	43,1	41,9	42,7
MxJ401	41,5	43,4	-	-
MxJ45	37,0	42,9	-	-
MxK199.16.2	36,2	43,7	-	-
MxMOL1	35,5	42,0	39,4	42,0
MxMOL2	38,8	40,4	44,9	40,7
MxMOY5	18,4	41,3	-	-
MxR53	39,1	45,1	43,2	45,3
MxR99	38,7	43,9	42,4	43,7
MxRS13/6	37,6	44,6	-	-
MxRS4/2	38,2	43,9	-	-
MxS108.1.1	45,3	43,8	-	-
MxS13	45,0	46,2	46,7	46,2
MxS228.8.1	37,8	44,1	-	-
MxS45.2.2	40,7	43,8	38,5	43,3
MxVIL1	40,1	42,7	39,4	42,4

Tab. 3-15: Ergebnisse der 4-ortigen und 9-ortigen Leistungsprüfungen der Testhybriden für die Parameter Ertrag und Ölgehalt (Fortsetzung)

Genotypen	Mittelwerte über 4 Orte		Mittelwerte über 9 Orte	
	Ertrag [dt/ha]	Ölgehalt [%]	Ertrag [dt/ha]	Ölgehalt [%]
RxB1/3.3	39,6	42,9	39,6	42,5
RxBOY1	38,6	41,6	-	-
RxG39	38,7	41,9	40,4	42,0
RxG50	35,7	43,4	42,1	43,3
RxH149	42,6	43,7	46,2	43,9
RxH165	39,9	43,3	38,0	43,1
RxH176	42,7	43,9	47,1	43,8
RxH355	36,3	42,5	-	-
RxH44	42,6	45,0	44,3	44,5
RxINL1	42,7	41,5	-	-
RxINL2	38,9	41,7	40,7	41,6
RxJ112	38,6	42,9	-	-
RxJ134	38,4	42,5	41,5	42,6
RxJ154	39,5	42,9	-	-
RxJ161	37,2	42,9	-	-
RxJ166	36,1	41,7	40,7	42,6
RxJ401	37,7	42,2	41,5	41,7
RxJ408	36,6	42,2	39,7	42,2
RxJ410	42,9	42,3	-	-
RxJ45	38,5	43,3	-	-
RxMOY4	43,7	42,5	-	-
RxOLL1	36,9	41,5	-	-
RxR53	41,7	44,1	44,1	43,9
RxR99	44,1	43,2	46,6	43,1
RxRS10/7	43,7	43,7	-	-
RxRS13/6	38,9	44,0	-	-
RxRS4/2	43,6	43,5	45,3	43,0
RxRS7/6	41,5	43,3	42,2	43,4
RxRS8/6	42,0	43,2	44,0	43,0
RxRUY1	38,5	43,1	-	-
RxS108.1.1	42,3	41,9	44,3	42,1
RxS13	43,4	44,5	47,9	44,5
RxS39	44,5	42,0	44,8	42,1
RxS45.2.2	34,2	42,3	37,6	42,2
MSL007	35,8	45,4	37,8	45,2
Tester Syngenta	33,7	42,1	38,7	42,0
Visby	49,2	43,6	51,2	43,8
LSD (p = 0,05)	6,3	1,2	4,9	0,7
Min.	18,4	40,4	33,2	40,7
Max.	49,2	46,2	51,2	46,2
MW Testhybriden	39,2	43,1	42,2	43,2
MW Standards	39,6	43,7	42,6	43,7

Im Mittel über neun Umwelten liegen die Erträge der Testhybriden und auch der Standards etwa 3 dt/ha höher als im Mittel über vier Umwelten. Der mittlere Ölgehalt der Testhybriden und auch der Standards ist sowohl über neun Umwelten wie auch über vier Umwelten annähernd konstant. Auffallend sind die niedrigen Kornerträge der beiden Standards ‚MSL 007‘ (35,8 dt/ha bzw. 37,8 dt/ha) und ‚Tester Syngenta‘ (33,7 dt/ha bzw. 38,7 dt/ha) während der Standard ‚Visby‘ sowohl über vier Orte gemittelt wie auch über neun Orte gemittelt die höchsten Erträge (49,2 dt/ha bzw. 51,2 dt/ha) erbringt. Der niedrigste Ertrag über vier Orte findet sich bei der Testhybride ‚MSL 007 x MOY 5‘ mit 18,6 dt/ha, der höchste bei der Testhybride ‚MSL 007 x H 176‘ mit 47,1 dt/ha. Über neun Orte gemittelt lässt sich der niedrigste Kornertrag für die Kreuzung ‚MSL 007 x J 161‘ mit 33,2 dt/ha beobachten, der höchste für ‚MSL 007 x H 176‘ mit 49,5 dt/ha. Der niedrigste Ölgehalt ist bei den Testkreuzungen sowohl über vier wie auch über neun Orte gemittelt für den Genotyp ‚MSL 007 x MOL 2‘ mit 40,4% bzw. 40,7% festzustellen. Den höchsten Ölgehalt insgesamt weist in beiden Fällen die Testhybride ‚MSL 007 x S 13‘ mit jeweils 46,2% auf.

Die Ergebnisse der 4-ortigen Leistungsprüfung für den Kornertrag sowie für den Ölgehalt der einzelnen Testhybriden und der Standards sind in den Abbildungen 3-8 und 3-10 graphisch dargestellt.

Im Balkendiagramm für den Ertrag (Abb. 3-8) ist zu erkennen, dass mit Ausnahme der beiden Genotypen ‚MSL 007 x MOY 5‘ und ‚MSL 007 x J 166‘ alle Testhybriden auf oder über dem Ertragsniveau der beiden Tester ‚MSL 007‘ und ‚RNX 4621‘ liegen. Weiterhin ist zu beobachten, dass die meisten Testhybriden mit Wild-Resynthesen (in grün und hellgrün dargestellt) geringere Erträge erbracht haben als viele Testhybriden mit klassischen Resynthesen (in grau dargestellt). Ausnahmen sind hier die Genotypen ‚MSL 007 x VIL 1‘, ‚MSL 007 x J 401‘, ‚RNX 4621 x INL 1‘, ‚RNX 4621 x J 410‘ und ‚RNX 4621 x MOY 4‘, deren Erträge bei > 40 dt/ha lagen. Besonders auffallend ist die Testhybride ‚MSL 007 x H 176‘, deren Ertragsniveau nah an das des Standards ‚Visby‘ heranreicht.

Vergleicht man die Erträge für die 22 Tester/Resynthese-Kombinationen, die mit beiden Testern gelungen sind und in den Leistungsprüfungen geprüft werden konnten, so erhält man eine relativ niedrige signifikante Korrelation von 0,45 (Abb. 3-9).

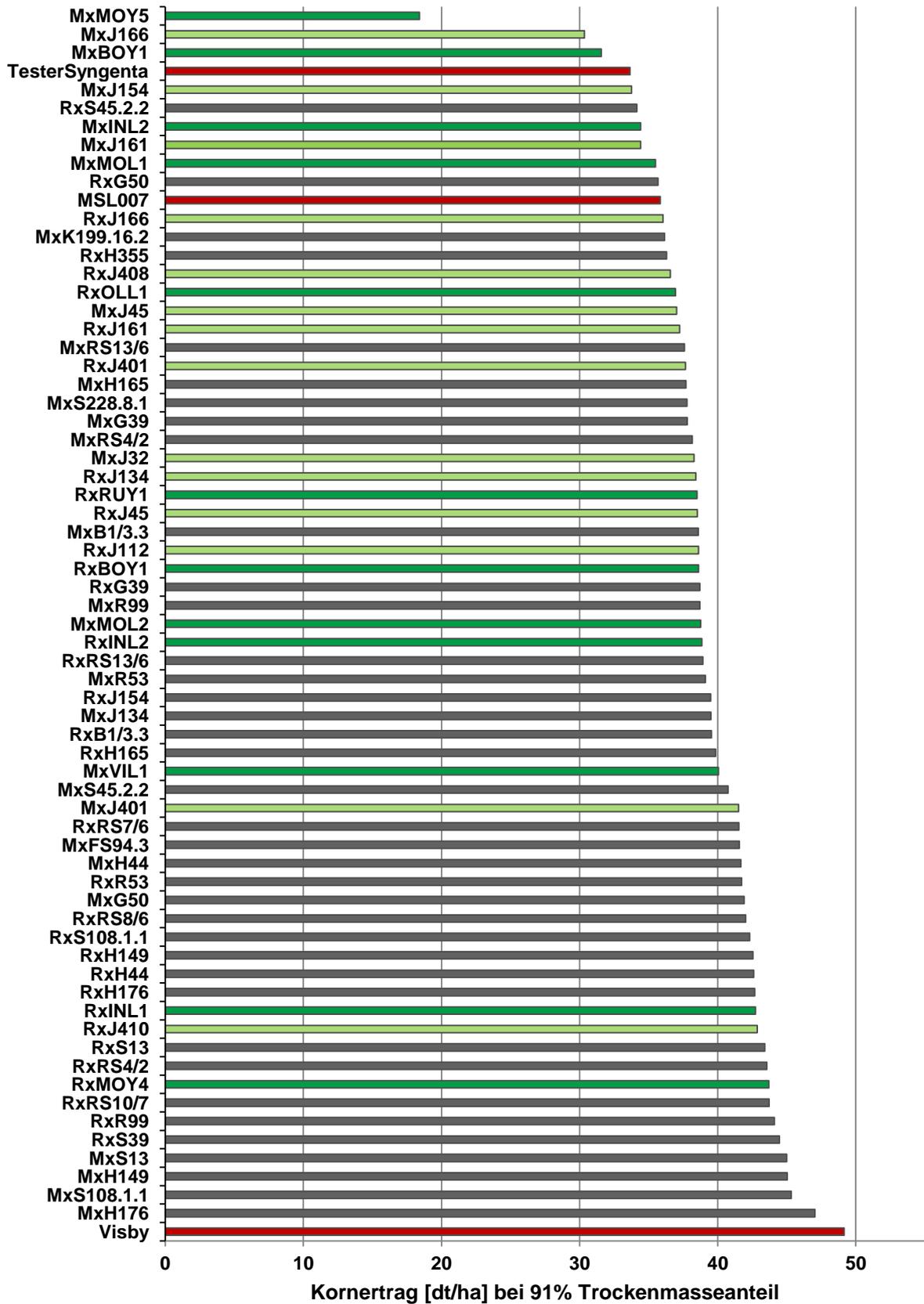


Abb. 3-8: Kornertrag der Testhybriden über 4 Standorte gemittelt: Hellgrün = Testhybriden mit Resynthesen, die das C-Genom einer *B. oleracea*-Wildform enthalten, grün = Testhybriden mit Resynthesen, die das C-Genom einer *B. oleracea*-Wildart enthalten, dunkelgrau = Testhybriden mit klassischen Resynthesen, rot = Standards

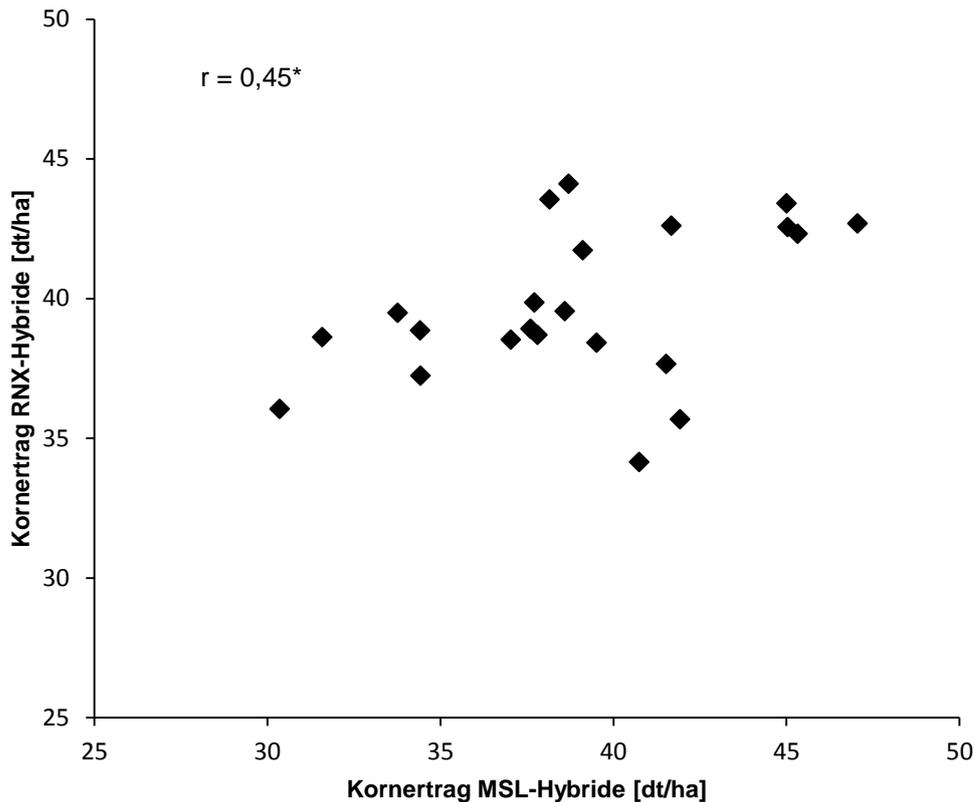


Abb. 3-9: Korrelation der Kornerträge für Tester/Resynthese-Kombinationen, die mit beiden Testern gelungen sind. (n = 22); * = signifikant (P = 0,1)

Bei den Ölgehalten (Abb. 3-8) weisen vor allem die mit Wild-Resynthesen (in Abb. 3-8 in grün und hellgrün dargestellt) erstellten Testhybriden niedrige Werte zwischen ungefähr 40% und 43% auf. Neben wenigen Hybriden mit klassischen Resynthesen (grau dargestellt) reiht sich hier auch der ‚Tester Syngenta‘ mit knapp über 42% Ölanteil ein. Oberhalb von 43% Ölgehalt finden sich nur drei Testhybriden mit Wild-Resynthesen. Diese sind ‚RNX 4621 x J 45‘, ‚MSL 007 x J 410‘ und ‚MSL 007 x J 161‘, die mit knapp über 44% Ölgehalt den höchsten Ölanteil unter den mit Wild-Resynthesen erstellten Testhybriden aufweist. Ölgehalte über 45% erreichen neben dem Standard/Tester ‚MSL 007‘ nur die Hybriden ‚RNX 4621 x H 44‘, ‚MSL 007 x H 44‘, ‚MSL 007 x R 53‘, ‚MSL 007 x H 149‘ und ‚MSL 007 x H 176‘. Ein Ölanteil von über 46% konnte nur für die Kreuzung ‚MSL 007 x S 13‘ beobachtet werden.

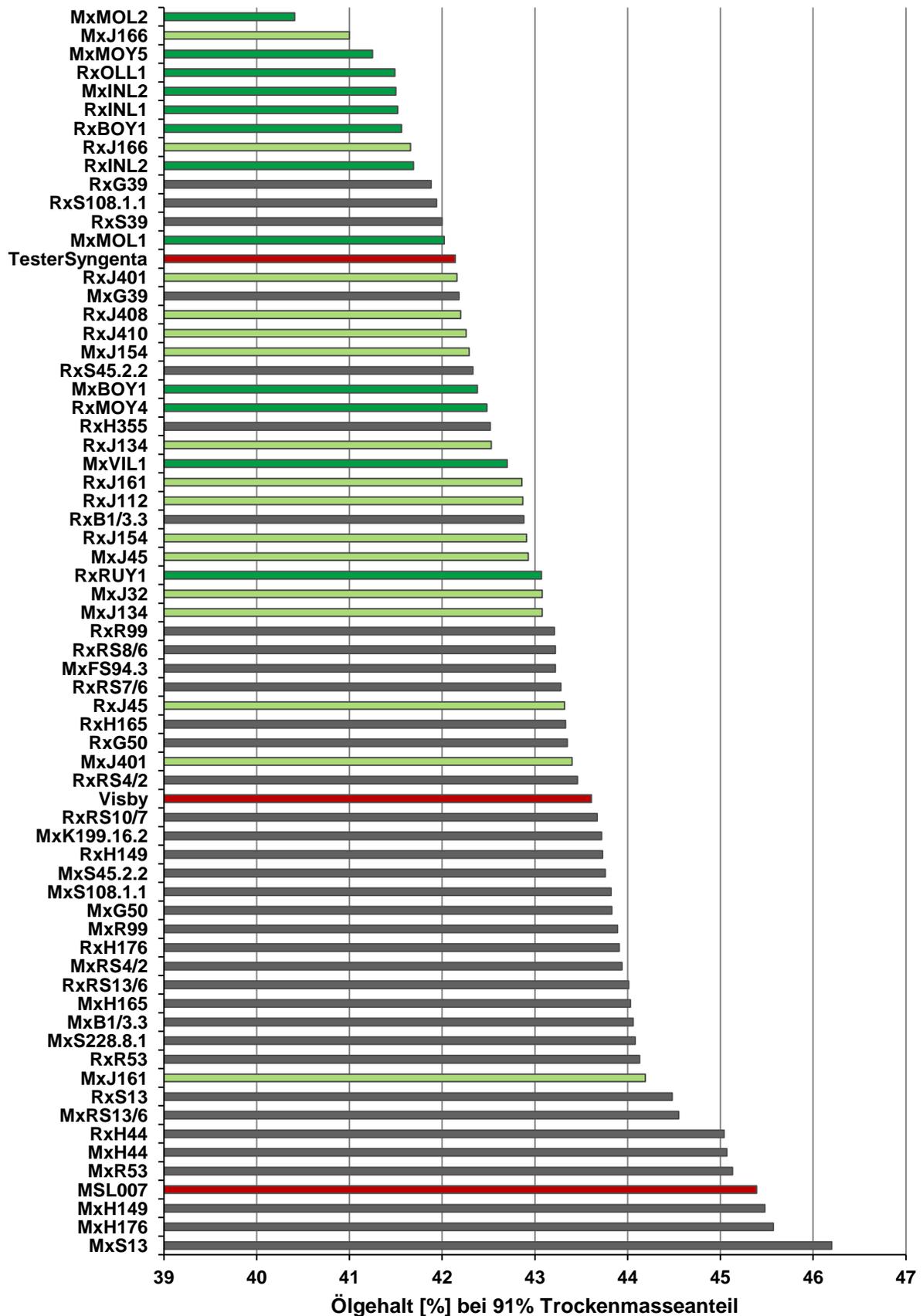


Abb. 3-10: Ölgehalt der Testhybriden über 4 Standorte gemittelt: Hellgrün = Testhybriden mit Resynthesen, die das C-Genom einer *B. oleracea*-Wildform enthalten, grün = Testhybriden mit Resynthesen, die das C-Genom einer *B. oleracea*-Wildart enthalten, dunkelgrau = Testhybriden mit klassischen Resynthesen, rot = Standards

Die für die weiteren agronomischen Merkmale ermittelten Ergebnisse werden im Folgenden nur für die 4-ortigen Leistungsprüfungen dargestellt (Tab. 3-17), da diese insgesamt mehr Genotypen umfassten. Die Ergebnisse der 9-ortigen Leistungsprüfungen sind den Tabellen XVI bis XIX im Anhang zu entnehmen.

Für die Phytosterole und Sinapoylverbindungen werden in Tabelle 3-17 nur die Gesamtgehalte aufgeführt. Die Werte für die einzelnen enthaltenen Phytosterole und Sinapoylverbindungen sind aus den Tabellen XIV und XV im Anhang ersichtlich.

In der Varianzanalyse der Ergebnisse (Tab. 3-16) zeigten sich für annähernd alle erfassten Merkmale hochsignifikante genotypische Variationen. Eine Ausnahme bildete das Merkmal Winterfestigkeit, für das keine signifikanten Variationen festgestellt werden konnten. Auch die errechneten Heritabilitäten sind in der Regel hoch ($\geq 0,75$). Lediglich die durch Bonituren erfassten Merkmale Winterfestigkeit und Lager sowie das die durch Messung erfasste Wuchshöhe und der mittels NIRS erfasste Sinapinsäuregehalt weisen niedrigere Heritabilitäten auf.

Tab. 3-16: Ergebnisse der ANOVA für die 4-ortigen Leistungsprüfungen der Testhybriden, gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

	Varianzursache ^a	Genotyp	Ort	GxO	h ²
	Kornertrag	14,89**	58,25**	20,19	0,75
	TKG	0,08**	0,15**	0,04	0,86
	Wuchshöhe	25,92**	95,84**	59,89	0,63
	Blühbeginn	7,31**	118,52**	4,84	0,82
	Winterfestigkeit	0,06	0,35**	1,09	0,16
	Lager	0,22**	0,48**	0,98	0,41
	ÖL	1,26**	2,23**	0,71	0,88
	C22:1	36,82**	33,54**	12,55	0,92
	Protein	0,46**	0,60**	0,53	0,78
	Glucosinolate	87,62**	1,37**	21,84	0,94
Phytosterole	Brassicasterol	315,25**	1027,16**	191,9	0,83
	Camosterol	4045,37**	4362,20**	2190,78	0,85
	Stigmasterol	0,06**	0,10**	0,05	0,80
	Sitosterol	5176,89**	261,70**	1776,49	0,90
	Avenasterol	56,49**	47,99**	43,6	0,80
	Phytosterol gesamt	24222,47**	4279,74**	9159,79	0,89
Sinapoyle	Sinapoylglucose	0,24**	0,09**	0,12	0,85
	Sinapin	0,22**	0,06**	0,18	0,79
	andere Sinapinsäureester	0,04**	0,02**	0,03	0,82
	Sinapinsäure gesamt	0,08**	0,23**	0,23	0,52

^a GxO = Interaktion zwischen Genotyp und Ort, h² = Heritabilität; ** signifikant bei p = 0,01

Tab. 3-17: Agronomische Merkmale der Testhybriden aus den 4-ortigen Leistungsprüfungen

Genotyp	Ertrag [dt/ha]	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [μmol/g]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	TKG [g]	Höhe [cm]	BB	WF	Lager
MxB1/3.3	38,6	44,1	11,7	18,7	49,7	3527,4	6,9	4,2	163,8	116,3	2,5	2,0
MxBOY1	31,6	42,4	16,2	19,8	55,4	3566,8	7,3	4,7	152,5	117,0	3,5	3,0
MxFS94.3	41,6	43,2	3,1	18,4	34,3	3770,8	7,7	4,3	166,3	117,3	2,5	2,0
MxG39	37,8	42,2	11,7	20,0	51,7	3515,0	8,0	4,4	161,3	119,3	2,5	3,7
MxG50	41,9	43,8	1,7	18,6	38,3	3774,7	8,0	4,3	158,8	117,0	2,0	2,3
MxH149	45,0	45,5	24,5	17,8	44,6	3390,5	7,0	4,3	155,0	113,0	2,0	3,0
MxH165	37,7	44,0	13,2	19,2	37,8	3547,9	7,3	4,1	151,3	117,7	3,3	3,0
MxH176	47,1	45,6	16,1	18,1	27,7	3533,6	7,6	4,5	162,5	117,0	2,5	2,0
MxH44	41,7	45,1	24,9	19,6	32,9	3289,0	7,0	4,6	152,5	111,0	2,3	1,7
MxINL2	34,4	41,5	12,8	20,4	44,8	3473,3	7,3	4,9	155,0	115,7	2,3	2,3
MxJ134	39,5	43,1	11,1	19,0	32,8	3413,5	6,9	4,6	147,5	112,0	2,0	2,7
MxJ154	33,8	42,3	17,7	19,7	53,7	3483,5	7,0	5,2	148,8	108,3	3,0	2,3
MxJ161	34,4	44,2	19,3	18,2	38,2	3422,8	7,3	4,0	137,5	115,3	3,5	4,3
MxJ166	30,4	41,0	19,5	19,9	50,8	3423,5	7,4	4,9	145,0	114,0	3,5	4,7
MxJ32	38,3	43,1	10,7	18,8	35,5	3585,7	7,5	4,6	160,0	114,0	2,5	2,3
MxJ401	41,5	43,4	14,2	18,3	32,1	3533,0	7,2	4,9	157,5	114,0	2,5	2,3
MxJ45	37,0	42,9	17,5	18,9	40,2	3520,8	6,9	4,4	147,5	112,3	3,5	3,0
MxK199.16.2	36,2	43,7	19,9	19,4	43,4	3319,6	7,4	4,1	157,5	117,3	2,5	2,3
MxMOL1	35,5	42,0	13,3	19,8	53,3	3501,7	7,6	4,7	162,5	117,3	2,8	2,3
MxMOL2	38,8	40,4	10,7	21,0	55,9	3478,6	6,4	5,1	168,8	120,3	3,5	2,0
MxMOY5	18,4	41,3	16,4	20,7	55,8	3509,9	6,7	4,5	161,3	114,3	3,0	2,7
MxR53	39,1	45,1	21,6	19,3	35,7	3350,1	7,6	4,5	158,8	115,7	2,3	1,7
MxR99	38,7	43,9	7,3	18,7	30,1	3665,0	7,2	4,4	158,8	115,0	2,3	1,7
MxRS13/6	37,6	44,6	19,9	18,8	42,2	3312,3	7,0	4,7	151,3	106,7	2,8	2,7
MxRS4/2	38,2	43,9	19,7	19,1	39,7	3409,1	7,3	4,2	163,8	114,3	3,0	3,7

^aberechnet als Sinapinsäureäquivalente

Tab. 3-17: Agronomische Merkmale der Testhybriden aus den 4-ortigen Leistungsprüfungen (Fortsetzung)

Genotyp	Ertrag [dt/ha]	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [μmol/g]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	TKG [g]	Höhe [cm]	BB	WF	Lager
MxS108.1.1	45,3	43,8	5,3	18,0	35,5	3706,1	7,4	4,5	156,3	108,7	2,0	1,7
MxS13	45,0	46,2	25,1	18,2	60,2	3393,1	7,0	4,1	152,5	115,3	2,3	2,7
MxS228.8.1	37,8	44,1	15,5	18,9	39,4	3496,4	7,1	4,3	156,3	115,0	2,0	2,3
MxS45.2.2	40,7	43,8	16,1	19,5	41,3	3453,9	7,4	4,1	155,0	111,7	3,8	2,7
MxVIL1	40,1	42,7	12,4	19,2	40,3	3514,8	7,4	4,9	162,5	114,0	2,5	1,3
RxB1/3.3	39,6	42,9	11,2	18,9	49,4	3571,7	7,4	4,6	165,0	116,7	2,3	2,3
RxBOY1	38,6	41,6	16,1	19,2	52,7	3471,6	7,4	4,8	160,0	117,7	3,3	2,7
RxG39	38,7	41,9	7,2	19,0	42,6	3673,0	7,6	4,6	166,3	117,3	2,3	2,3
RxG50	35,7	43,4	1,8	17,8	35,5	3858,9	8,1	4,3	155,0	117,0	1,8	2,0
RxH149	42,6	43,7	23,3	18,4	46,0	3437,5	7,2	4,6	156,3	111,3	2,3	2,7
RxH165	39,9	43,3	12,7	19,0	34,9	3606,6	7,4	4,1	148,8	118,0	2,5	3,0
RxH176	42,7	43,9	12,5	18,0	27,7	3603,8	7,6	4,8	160,0	116,3	2,8	2,3
RxH355	36,3	42,5	16,6	19,5	46,7	3475,4	8,3	4,9	152,5	115,7	3,0	2,7
RxH44	42,6	45,0	21,3	18,5	29,8	3410,5	7,4	4,7	155,0	112,0	2,8	2,3
RxINL1	42,7	41,5	8,7	19,0	31,4	3727,3	7,9	5,2	165,0	117,0	2,8	2,3
RxINL2	38,9	41,7	11,3	19,4	42,8	3517,6	7,4	4,8	155,0	114,7	1,8	2,3
RxJ112	38,6	42,9	15,3	18,4	36,3	3629,8	7,8	4,6	147,5	113,7	3,0	3,3
RxJ134	38,4	42,5	11,0	18,3	30,2	3534,2	7,2	4,7	146,3	114,0	2,8	3,3
RxJ154	39,5	42,9	8,1	18,0	36,8	3839,4	7,6	4,8	147,5	108,3	2,5	2,3
RxJ161	37,2	42,9	11,1	17,7	25,5	3765,4	7,7	4,4	147,5	114,7	2,0	3,0
RxJ166	36,1	41,7	15,8	18,6	43,5	3604,9	7,4	4,7	150,0	113,3	4,5	4,7
RxJ401	37,7	42,2	11,0	18,5	34,0	3600,9	7,4	5,3	157,5	115,0	2,3	3,0
RxJ408	36,6	42,2	22,0	18,6	42,9	3500,8	7,8	4,4	150,0	112,7	3,8	5,0
RxJ410	42,9	42,3	14,5	18,5	36,1	3659,6	7,1	4,4	150,0	112,3	3,0	3,3
RxJ45	38,5	43,3	10,4	17,6	30,2	3764,1	7,2	4,4	152,5	116,3	3,0	3,0

^aberechnet als Sinapinsäureäquivalente

Tab. 3-17: Agronomische Merkmale der Testhybriden aus den 4-ortigen Leistungsprüfungen (Fortsetzung)

Genotyp	Ertrag [dt/ha]	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [μmol/g]	Phytosterol gesamt [mg/kg]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	TKG [g]	Höhe [cm]	BB	WF	Lager
RxMOY4	43,7	42,5	6,8	18,7	31,3	3872,6	6,9	4,5	157,5	116,0	2,5	2,0
RxOLL1	36,9	41,5	8,2	19,6	30,1	3586,4	8,5	5,4	152,5	114,7	3,0	3,7
RxR53	41,7	44,1	20,5	19,0	34,0	3361,4	7,4	4,7	155,0	116,7	1,8	2,3
RxR99	44,1	43,2	5,2	18,2	27,3	3745,3	7,0	4,4	156,3	115,7	2,3	2,0
RxRS10/7	43,7	43,7	11,4	18,4	40,9	3667,4	7,2	4,8	162,5	116,0	2,5	2,3
RxRS13/6	38,9	44,0	15,6	17,9	36,8	3550,6	7,5	4,5	160,0	107,7	1,8	2,0
RxRS4/2	43,6	43,5	11,5	18,4	30,8	3707,2	7,9	4,3	167,5	115,7	3,0	2,7
RxRS7/6	41,5	43,3	20,5	19,4	35,4	3408,8	7,6	4,9	156,3	111,3	2,0	2,3
RxRS8/6	42,0	43,2	11,7	19,1	33,0	3654,3	8,1	5,0	158,8	115,7	2,5	2,3
RxRUY1	38,5	43,1	5,4	18,2	28,7	3871,9	7,2	4,6	158,8	117,3	2,8	3,0
RxS108.1.1	42,3	41,9	7,6	19,0	35,5	3556,5	7,5	4,8	153,8	108,3	2,8	3,3
RxS13	43,4	44,5	20,2	17,5	48,3	3553,7	7,3	4,5	150,0	116,0	2,0	2,7
RxS39	44,5	42,0	0,9	18,0	18,7	3875,7	7,9	4,4	147,5	116,7	2,3	2,3
RxS45.2.2	34,2	42,3	8,4	19,2	32,6	3705,0	7,8	4,2	153,8	113,3	2,3	2,7
MSL007	35,8	45,4	1,3	17,9	16,9	3929,3	7,6	4,4	142,5	117,3	1,8	1,3
TesterSyngenta	33,7	42,1	2,3	18,5	21,6	3792,7	6,5	4,7	150,0	121,4	2,3	3,0
Visby	49,2	43,6	0,0	17,0	15,0	4078,1	7,9	4,8	157,5	117,0	2,0	1,7
LSD (p=0,05)	6,3	1,2	4,9	1,0	6,5	154,6	0,8	0,3	10,8	3,6	1,5	1,6
Min.	18,4	40,4	0,0	17,0	15,0	3289,0	6,4	4,0	137,5	106,7	1,8	1,3
Max.	49,2	46,2	25,1	21,0	60,2	4078,1	8,5	5,4	168,8	121,4	4,5	5,0
MW Testhybriden	39,2	43,1	13,5	18,8	38,9	3566,4	7,4	4,6	155,7	114,6	2,6	2,7
MW Standards	39,6	43,7	1,2	17,8	17,8	3933,4	7,3	4,6	150,0	118,6	2,0	2,0

^aberechnet als Sinapinsäureäquivalente

Neben den beschriebenen Variationen beim Ertragsniveau und beim Ölgehalt zeigen sich auch bei anderen Merkmalen große Variationsbreiten (Tab. 3-17).

Der Erucasäuregehalt (C 22:1) reicht bei den Testhybriden von 1,7% (,MSL 007 x G 50') bis 25,1% (,MSL 007 x S 13') und erreicht im Mittel 13,5%. Die Standards weisen einen mittleren Anteil von 1,2% Erucasäure auf und sind damit praktisch erucasäurefrei. Beim Proteingehalt liegt der Gehalt der Testhybriden mit im Mittel 18,8% leicht höher als der der Standards (17,8%). Die beobachtete Spanne reicht bei den Hybriden von 17,5% (,RNX 4621 x S 13) bis 21% (,MSL 007 x MOL 2'). Bei den Glucosinolaten ist die Variation zwischen den Genotypen besonders hoch. Sie reicht von 15 µmol/g für den Standard ,Visby' bis 60,2 µmol/g für die Kreuzung ,MSL 007 x S 13'. Der Mittelwert der Standards liegt bei 17,8 µmol/g, der der Testhybriden im Mittel bei 38,9 µmol/g. Auch für den Phytosterolgehalt kann eine große Spannbreite festgestellt werden. Die Spanne reicht hier von 3289 mg/kg (,MSL 007 x H44') bis 4078 mg/kg (,Visby'). Die höchsten Werte werden von den Standards erreicht. Der mittlere Phytosterolgehalt der Standards liegt mit 3933 mg/kg deutlich höher als der der Testhybriden (3566 mg/kg). Beim Sinapinsäuregehalt unterscheiden sich die Mittelwerte für Standards und Hybriden nicht signifikant, es gibt aber Variationen zwischen den Genotypen. Diese reichen von 6,4 mg/g bis 8,5 mg/g. Den geringsten Gehalt weist ,MSL 007 x MOL 2' auf, den höchsten ,RNX 4621 x OLL 1'.

Für das Merkmal Winterfestigkeit zeigen die meisten Testhybriden niedrige Werte und weisen somit eine relativ gute Winterfestigkeit auf. Der Mittelwert liegt hier bei 2,6. Der Mittelwert der Standards liegt bei 2,6 und unterscheidet sich damit nicht signifikant von dem der Testhybriden. Die höchsten Werte und damit die schlechteste Winterfestigkeit wurden für die Testhybriden ,RNX 4621 x J 161' mit 4,5 sowie ,MSL 007 x S 45.2.2' und ,RNX 4621 x J 408' mit jeweils 3,8 ermittelt.

Für das Merkmal Lager lassen sich im Mittel ebenfalls keine signifikanten Unterschiede zwischen den Testhybriden und den Standards beobachten. Einzelne Genotypen weisen jedoch hohe Neigung zum Lagern auf, wie z.B. der Genotyp ,RNX 4621 x J 104', der einen mittleren Boniturwert von 5 erreicht, oder die ,RNX'- und ,MSL'-Hybriden mit ,J 166', die beide mittlere Boniturwerte für das Merkmal Lager von 4,7 aufweisen.

4 Diskussion

4.1 Markeranalysen

Bei den AFLP-Analysen konnten durch Nutzung von drei Primerkombinationen insgesamt 471 polymorphe Marker für die untersuchten Rapsgenotypen identifiziert werden. Diese Zahl erscheint im Vergleich zu anderen AFLP-Studien in *Brassica napus* sehr hoch. So konnten z.B. YU et al. (2007) in ihrer Arbeit zur genetischen Diversität in gelbsamigem Raps unter Nutzung von 18 Primerkombinationen nur 242 polymorphe Marker generieren. Auch LOMBARD et al. (2000) benötigten 17 Primerkombinationen um 324 polymorphe Fragmente zu erhalten. Die deutlich höhere Anzahl Polymorphismen, die in der vorliegenden Arbeit gefunden werden konnten, lässt sich aber leicht erklären. Während YU et al. (2007) und LOMBARD et al. (2000) ausschließlich Kulturformen vom Raps untersuchten, die insgesamt eine sehr enge genetische Basis aufweisen, wurden in der vorliegenden Studie neben 55 *Brassica napus* Zuchtformen auch 71 resynthetisierte Genotypen analysiert. Diese Resynthesen zeigen im Vergleich zum Zuchtmaterial eine deutlich größere genetische Variation (vgl. BECKER et al. 1995; GIRKE 2000). Auch SEYIS et al. (2003) erzielten daher in ihrer Untersuchung zur genetischen Diversität von resynthetisiertem Raps im Vergleich mit Sommerrapssorten eine vergleichbar hohe Anzahl von 467 polymorphen Banden unter Nutzung von drei Primerkombinationen.

Die angesprochene Enge der genetischen Basis im Rapszuchtmaterial konnte im Rahmen dieser Untersuchung bestätigt werden. Die genetische Distanz über das gesamte analysierte Zuchtmaterial lag im Mittel bei 0,35. Vergleichbare Distanzwerte wurden auch in den RFLP-Analysen von DIERS & OSBORN (1993) und GIRKE (2000) sowie den Untersuchungen mittels SSR-Markern von HASAN et al. (2006) gefunden. Die engen Verwandtschaftsbeziehungen im Zuchtmaterial sind darauf zurückzuführen, dass Raps entwicklungsgeschichtlich eine relativ junge Art ist und in der Pflanzenzüchtung erst seit wenigen Jahrzehnten eine größere Bedeutung hat (BECKER et al. 1995). Ihre Entstehung geht, wie bereits METZGER (1833) erkannte, auf die spontane Hybridisierung von Rübsen (*Brassica rapa*) und Kohl (*Brassica oleracea*) zurück. Auch wenn angenommen werden muss, dass *Brassica napus* polyphyletischen Ursprungs ist (SONG & OSBORN 1992; ALLENDER & KING 2010), so ist doch davon auszugehen, dass das derzeitige

Zuchtmaterial ursprünglich auf einigen wenigen interspezifischen Hybridpflanzen basiert (BECKER et al. 1995). Zu einer weiteren Einengung des Genpools kam es durch die Fokussierung der Züchtung auf spezielle Qualitätsmerkmale (SEYIS et al. 2003; HASAN et al. 2006).

Die Hauptkoordinatenanalyse und die Clusteranalyse erlaubten eine Einteilung des Zuchtmaterials in die drei klar abgrenzbaren Formenkreise Winter-, Sommer- und chinesischer Raps. Die gefundenen Gruppierungen wurden so bereits in einer Reihe von Studien zur genetischen Diversität im Rapsmaterial unter Nutzung verschiedener Markertypen nachgewiesen und auch die in den Dendrogrammen dargestellte Abtrennung der Cluster voneinander erfolgt bei vergleichbaren Distanzwerten (vgl. DIERS & OSBORN 1994; BECKER et al. 1995; LOMBARD et al. 2000, PLIESKE & STRUSS 2001; GIRKE 2002; HASAN et al. 2006). Die mittleren genetischen Distanzen innerhalb der drei Cluster stimmen ebenfalls relativ gut mit den in der Literatur veröffentlichten Werten überein. Im Vergleich mit GIRKE (2002), der in seiner Arbeit ein ähnlich umfangreiches Sortiment mit RFLP-Markern untersucht hat, liegen die beobachteten Werte im Allgemeinen etwas höher. So lag die mittlere genetische Distanz im Winterrapsmaterial in der vorliegenden Arbeit bei 0,29, innerhalb des Sommerrapses bei 0,28 und im chinesischen Material bei 0,37. GIRKE (2002) beobachtete für die entsprechenden Formenkreise mittlere genetische Distanzen von 0,21, 0,23 bzw. 0,28. Zu berücksichtigen ist aber, dass die genetischen Distanzen für die RFLP-Analysen nach DICE (1945) und die in den AFLP-Analysen dieser Studie mit dem Jaccard-Koeffizienten (JACCARD 1908) geschätzt wurden, entsprechend den Empfehlungen für kodominante Marker bzw. dominante Marker (LINK et al. 1995).

Das untersuchte resynthetisierte Material wies eine große genetische Distanz zum Zuchtmaterial auf. Dies entspricht den Ergebnissen anderer Diversitätstudien unter Einbeziehung von Resynthesen (vgl. SONG & OSBORN 1992; BECKER et al. 1995; VOSS et al. 1998; GIRKE 2002). Während sich in den Untersuchungen von SONG & OSBORN (1992), DIERS & OSBORN (1996); VOSS et al. (1998) sowie SEYIS et al. (2003) nur wenige resynthetisierte Rapsformen finden, verglichen BECKER et al. (1995) in ihrer RFLP-Studie 17 Resynthesen mit 24 Kulturformen und konnten dabei eine mittlere genetische Distanz der Resynthesen zum Zuchtmaterial von 0,35 feststellen. Einen fast identischen Wert (0,36) ermittelte GIRKE (2002) in seinen umfangreichen RFLP-Analysen, bei denen insgesamt 142 Resynthesen

und 57 Kulturformen untersucht wurden. Die mittlere genetische Distanz der Resynthesen zum Zuchtmaterial lag in der vorliegenden Studie bei 0,58 und damit bedeutend höher als in den Untersuchungen von BECKER et al. (1995) und GIRKE (2002). Dies ist durch die Zusammensetzung des untersuchten Resynthesematerials zu erklären, welches einerseits aus 27 klassischen Resynthesen (Resynthesen, die mit *Brassica oleracea*-Kulturformen erstellt wurden) sowie 44 Wild-Resynthesen (Resynthesen, die mit Wildformen von *Brassica oleracea* oder anderen Brassica-Wildarten erstellt wurden) bestand. Bei der Auswahl der klassischen Resynthesen wurden neben neun Resynthesen aus der Justus-Liebig-Universität Gießen zudem vor allem solche ausgewählt, die in der Arbeit von GIRKE (2002) besonders hohe genetische Distanzen aufwiesen.

Betrachtet man nur die klassischen Resynthesen, so liegt ihre genetische Distanz zum Zuchtmaterial mit 0,52 niedriger als die des gesamten Resynthesematerials. Interessant ist auch, dass die mittlere genetische Distanz der klassischen Resynthesen zu den chinesischen Rapsformen mit 0,45 kleiner ist als zu den Winterrapssorten (0,50) und den Sommerrapssorten (0,53) und einen fast identischen Wert erbringt wie die mittlere genetische Distanz zwischen chinesischem Raps und Sommerraps (0,46). Ein Grund hierfür ist möglicherweise, dass die meisten chinesischen Rapsorten zwar auf europäisches Material zurückgehen (BECKER et al. 1999, Hu et al. 2007), im Laufe ihrer züchterischen Bearbeitung aber wiederholt asiatische *Brassica rapa*-Gemüse und -Ölformen eingekreuzt wurden (SERNYNK 1999, QIAN et al 2006; HU et al. 2007) und der größte Teil der klassischen Resynthesen in dieser Studie auf Kreuzungen von asiatischen *Brassica rapa*-Gemüseformen (spp. *chinensis* und ssp. *pekinensis*) zurückgeht.

Eindeutige größere Cluster lassen sich für die klassischen Resynthesen im Dendrogramm nicht finden und auch in der Hauptkoordinatenanalyse zeigen sie keine eindeutige Gruppierung, sondern streuen fast über den gesamten Bereich. Auch dies entspricht den Beobachtungen von GIRKE (2002). Dennoch sind im Dendrogramm zwei Gruppierungen zu beobachten, die fast ausschließlich klassische Resynthesen enthalten (Gruppierung ‚RS a‘ und ‚RS b‘, Abb. 3.3). Ausgehend von der großen Formenvielfalt der Eltern, die zur Erstellung der klassischen Resynthesen verwendet wurde, weisen die Resynthesen nicht nur zu

den anderen Materialgruppen eine sehr große genetische Distanzen auf, sondern auch untereinander (mittlere GD = 0,55).

Drei der klassischen Resynthesen (,B 1/3.3', ,S 108.1.1' und ,S 13') zeigen eine auffällig geringe genetische Distanz zum Winterrapsmaterial und clustern im Dendrogramm sogar mit diesem zusammen. Dies bestätigt für den Genotyp ,S 13' die Ergebnisse aus den Analysen von BECKER et al. (1999) und GIRKE (2002), in denen diese Resynthese ebenfalls untersucht wurde. Eine mögliche Ursache für diese Ähnlichkeit zum Winterraps könnten Einkreuzungen bei der Vermehrung dieser Resynthesen im Feld sein, insbesondere, wenn die Resynthesen selber stark selbstinkompatibel sind (GIRKE 2002).

Die untersuchten Wild-Resynthesen stellen ein besonderes und in dieser Form bisher einmaliges Materialset dar. Sie zeigen die größten mittleren genetischen Distanzen zu allen untersuchten Materialgruppen (jeweils > 0,60) und weisen auch untereinander eine sehr hohe genetische Variabilität auf (mittlere GD = 0,58).

Insgesamt konnten fünf Wild-Resynthesecluster gefunden werden, von denen die beiden, die dem Zuchtmaterial am nächsten stehen (Cluster ,WT a' und ,WT b', Trennung bei GD von ~ 0,57) ausschließlich Resynthesen mit *Brassica oleracea*-Wildformen enthalten. In den anderen drei Clustern sind hingegen mit Ausnahme zweier auf *Brassica oleracea*-Wildformen zurückgehender Resynthesen und fünf klassischer Resynthesen nur die Resynthesen mit anderen *Brassica*-Wildarten zu finden. Dabei lassen sich interessante Gruppierungen beobachten. So enthält das Cluster ,WS a' Wild-Resynthesen die mit dem Winterrübsen ,Largo' erstellt wurden, sowie zwei klassische Resynthesen, die ebenfalls auf Winterrübsenkreuzungen zurückgehen. Ein weiteres Cluster, das drei Wild-Resynthesen mit der Rübsensorte ,Largo' enthält, ist das Cluster ,WS c'. Diese Genotypen haben ihr C-Genom jeweils von einer *Brassica montana*-Akzession erhalten. Sie weisen im Dendrogramm die größte Entfernung zu allen anderen Genotypen auf und trennen sich von diesen bei einer genetischen Distanz von ~0,65. Das größte Cluster ,WS b' enthält mit Ausnahme der klassischen Resynthese ,RS 4/6' und der Wild-Resynthese ,HIL 1' ausschließlich Wild-Resynthesen, die auf Kreuzungen mit der Rübsenform ,Yellow Sarson' (*Brassica rapa* ssp. *trilocularis*) zurückgehen. Auch die beiden in dem Cluster enthaltenen klassischen Resynthesen ,RS 10/7' und ,RS 239' entstammen Kreuzungen mit ,Yellow Sarson'. Eine mögliche Erklärung hierfür könnte sein, dass die

Rübsenunterart ‚*trilocularis*‘ eine Sonderstellung einnimmt und möglicherweise eine, zu anderen Rübsenformen divergente Entwicklung aufweist (SEYIS et al. 2001; vgl. u.a. SONG et al. 1990; McGRATH & QUIROS 1992; DUHOON & KOPAR 1998).

Eine eindeutige Clusterung der Wildresynthesen entsprechend ihrer C-Genom-Herkünfte ist in den meisten Fällen nicht zu beobachten. Ausnahmen bilden hier zwei kleine Gruppen, die innerhalb des Clusters ‚WS b‘ eigene Subcluster bilden. Dies sind auf der eine Seite drei Wild-Resynthesen (‚HIY 1‘, ‚HIY 2‘ und ‚HIL 1‘) die auf Kreuzungen mit *Brassica hilarionis* zurückgehen, und auf der anderen Seite vier Wild-Resynthesen deren C-Genom aus *Brassica incana*-Akzessionen stammt (‚INY 1‘, ‚INY 3‘, ‚INY 4‘ und ‚INY 5‘), von denen bekannt ist, dass sie allesamt ursprünglich aus Sizilien stammen.

Das Wild-Resynthesematerial spiegelt insgesamt die breite genetische Variation der *Brassica*-Wildarten aus der *Brassica oleracea*-Verwandtschaft wieder, welche z.B. in den Diversitätsstudien von LANNÉR et al. (1997), LÁZARO & AGUINAGALDE (1998) und MEI et al. (2010) aufgezeigt werden konnte.

4.2 Charakterisierung der *Brassica*-Wildarten

Die untersuchten *Brassica*-Wildarten wiesen eine extrem hohe Variabilität sowohl in ihren Glucosinolatmustern als auch im Gesamtglucosinolatgehalt ihrer Blätter auf. Teilweise zeigten die Glucosinolatmuster innerhalb der untersuchten Arten gute Übereinstimmungen zwischen den einzelnen Akzessionen, Beispiele hierfür sind z.B. *Brassica cretica* und *Brassica insularis* (mit Ausnahme der Akzession (AZ) 1952). Bei anderen Arten zeigten sich hingegen auch innerhalb der Akzessionen einer Art große Unterschiede (z.B. *Brassica incana*). Diese Ergebnisse stimmen gut mit den Ergebnissen von MITHEN et al. (1987) überein, die in ihrer Studie ebenfalls große Unterschiede im Blattglucosinolatgehalt und –muster der verschiedenen *Brassica*-Arten sowohl zwischen den Arten als auch innerhalb der Arten nachweisen konnten. Gute Übereinstimmungen gibt es auch zwischen den in der vorliegenden Studie gefundenen Glucosinolatmustern und den bei MITHEN et al (1987) beschriebenen. So beobachteten MITHEN et al (1987) für *Brassica insularis* zwei Mustertypen und begründeten dies mit der unterschiedlichen geographischen Herkunft der Pflanzen. Pflanzen die von Sardinien (Italien)

stammten, wiesen als Hauptglucosinolat Progoitrin auf und enthielten außerdem größere Anteile Gluconapin. Solche die aus Tunesien stammten enthielten fast ausschließlich Sinigrin. Das gleiche Phänomen zeigte sich in den vorliegenden Ergebnissen. Während die untersuchten Akzessionen sardischer und korsischer Herkunft vor allem die Glucosinolate Progoitrin und Gluconapin enthielten unterschied sich die AZ 1952 komplett von den übrigen *Brassica insularis*-Akzessionen. Sie enthielt zu 97% Sinigrin. Laut ECPGR *Brassica* Database (MENTING & BAS 2010) stammt diese Akzession aus der Türkei, wo die Art jedoch nicht einheimisch ist (vgl. LANNÉR et al. 1997). Vermutlich stammt diese Akzession daher ursprünglich aus Tunesien. Auch bei den anderen Arten lassen sich Unterschiede im Glucosinolatmuster ausmachen, die möglicherweise auf ihre geographische Herkunft zurückzuführen sind. So ähneln sich z.B. die drei *Brassica oleracea*-Akzessionen 6824, 7681 (beide aus Frankreich) und 7694 (Groß Britannien) in ihren Mustern, während die AZ 7660 aus Spanien ein deutlich abweichendes Muster aufweist. Sehr interessant sind auch die drei untersuchten *Brassica villosa*-Akzessionen. Sie weisen extrem unterschiedliche Glucosinolatmuster auf. Dies ist erstaunlich, da *Brassica villosa* endemisch auf Sizilien vorkommt (LANNÉR et al. 1997, GLADIS & HAMMER 2003). Da Wildkohlpopulationen teilweise stark isoliert voneinander wachsen (HORN & VAUGHAN, 1983), könnte es sein, dass die untersuchten Pflanzen aus sehr isolierten Vorkommen (z.B. kleine und kleinste Inseln) stammen. Weitere Gründe könnten Einkreuzungen durch andere Brassica-Arten sein, da auf Sizilien noch weitere Brassica-Arten wild vorkommen und vermutlich auch Kulturformen angebaut werden. Außerdem bestünde ferner die Möglichkeit einer Vertauschung der Akzessionen bzw. der falschen Artbestimmung einer Akzession. Dies wäre z.B. für die *Brassica villosa* AZ 6581 und die *Brassica rupestris* AZ 6580, die annähernd identische Muster aufweisen, in Betracht zu ziehen.

Die beobachteten Variationen im Gesamtglucosinolatgehalt waren sehr groß. Während die Werte bei einigen Arten zwischen den Akzessionen vergleichbar hohe Werte aufwiesen (z.B. *Brassica cretica* ~50 µmol/g TM bis ~70 µmol, *Brassica oleracea* ~30 µmol/g TM bis ~40 µmol/g TM), gab es bei den Akzessionen anderer Arten große Unterschiede. Die größte Spanne war zwischen den *Brassica montana*-Akzessionen zu beobachten. Sie reichte von ~10 µmol/g TM bis ~120 µmol/g TM und deckt damit die gesamte beobachtete

Variation im Blattglucosinolatgehalt ab. Ähnlich hohe Variationen finden sich auch für die von MITHEN et al (1987) untersuchten Wild-Arten. Die angegebenen Werte reichen von ~2 µmol/g bis ~12 µmol/g. Sie beziehen sich allerdings auf die Frischmasse (FM), so dass in der Trockenmasse (TM) vergleichbar hohe Werte wie in den dargestellten Ergebnissen dieser Studie zu erwarten sind.

Von VELASCO & BECKER (2000) wurden Samenglucosinolate auch bei drei in dieser Arbeit untersuchten Akzessionen (AZ BRA 1166, AZ BRA 1644 (= K 5457) und AZ 3821) analysiert. Dabei zeigte sich, dass sich die Blatt- und Samenglucosinolatmuster deutlich unterscheiden. Während die Samen der *Brassica incana*-AZ BRA 1166 67% Sinigrin und 15% Glucoiberin (VELASCO & BECKER 2000) enthielten, wiesen die Blätter der gleichen Akzession als Hauptglucosinolat Glucobrassicinapin (48%) auf. Daneben waren 25% Progoitrin und 17% Sinigrin vorhanden. Bei der *Brassica montana*-AZ BRA 1644 war das Hauptsamenglucosinolat mit 53% ebenfalls Sinigrin, daneben kamen vor allem Glucoiberin und Progoitrin vor, wohingegen die Blätter als Hauptglucosinolate Glucobrassicin (30%) und Glucoiberin (28%) enthielten. Daneben waren außerdem Sinigrin (18%) und Gluconasturtiin (13%) zu beobachten. Bei der AZ 3821 (*Brassica villosa* ssp. *bivoniana*) wiesen VELASCO & BECKER (2000) im Samen 95% Glucoibervirin und 3% Glucoiberin nach, welches in den Blättern der Akzession gar nicht gefunden wurde. Stattdessen wurde hier 63% 4-Methoxyglucobrassicin und 34% Glucoiberin festgestellt. MITHEN et al. (1987) findet für die Blattprobe der gleichen Akzession (unter dem Namen *B. drepanensis* inzwischen in *B. villosa* umbenannt) hingegen 75% Glucoibeverin und 25% Glucoiberin. Dies würde im Vergleich zu anderen Beobachtungen für die AZ 3821 eine erstaunlich gute Übereinstimmung von Samen- und Blattglucosinolatmuster bedeuten und lässt vermuten, dass es sich bei den 63% 4-Methoxyglucobrassicin eigentlich um 63% Glucoibeverin handelt und somit an dieser Stelle vermutlich ein Zuordnungsfehler bei der Auswertung der HPLC-Chromatogramme aufgetreten ist. Dass die Glucosinolatmuster in verschiedenen Pflanzenteilen unabhängig voneinander variieren, wurde unter anderem bei ROSA et al (1997) und VELASCO et al (2007) beschrieben. Auch CLEEMPUT & BECKER (2011) konnten derartige Unterschiede zwischen Blatt- und Samenglucosinolatmustern feststellen.

Die in der vorliegenden Studie beobachteten Gesamtblattglucosinolatgehalte der Wildkohl-Akzessionen erscheinen im Vergleich mit der Studie von CLEEMPUT &

BECKER (2011), die an resynthetisiertem Raps durchgeführt wurde, sehr hoch, korrespondieren aber mit den bei MITHEN et al. (1987) beschriebenen Werten. Während CLEEMPUT & BECKER (2011) Maximalwerte von 4,75 $\mu\text{mol/g}$ TM finden, liegen diese in der Studie von MITHEN et al. (1987) bei den Wildarten bei bis zu 12,26 $\mu\text{mol/g}$ FM und in den vorliegenden Untersuchungen bei bis zu 118 $\mu\text{mol/g}$ TM. MITHEN et al. (1987) beschreibt aber auch, dass die Blattglucosinolatgehalte der meisten kultivierten *Brassica*-Formen deutlich unter denen der Wildarten liegen. So weisen die in der Arbeit von MITHEN et al. (1987) untersuchten *Brassica oleracea*-Kulturformen, mit Ausnahme der Sorte ‚J. King‘ (~8 $\mu\text{mol/g}$ FM), Gehalte zwischen 0,47 $\mu\text{mol/g}$ FM und 1,65 $\mu\text{mol/g}$ FM auf. Bei den untersuchten *Brassica rapa*-Formen werden für Wildformen zwischen 4,15 $\mu\text{mol/g}$ FM und 10,15 $\mu\text{mol/g}$ FM gefunden. Auch in diesem Fall liegen die Werte der Kulturformen mit einer Spanne von 0,07 $\mu\text{mol/g}$ FM bis 2,90 $\mu\text{mol/g}$ FM deutlich niedriger als die der Wildformen. Hier könnte eine Erklärung für die niedrigen, von CLEEMPUT & BECKER (2011) ermittelten Werte liegen, da alle in der Studie untersuchten Resynthesen auf Kreuzungen von Rübsen- und Kohlkulturformen zurückgehen. Ein weiterer Grund ist möglicherweise die Anzucht des verwendeten Probematerials. Während dies für die vorliegende Studie sowie für die Studie von MITHEN et al. (1987) im Gewächshaus geschah, wurden die Proben für die Analysen von CLEEMPUT & BECKER (2011) im Feld genommen. Zumindest für Samenglucosinolatgehalte wird berichtet, dass diese bei Gewächshausanzucht der Pflanzen höher ausfallen, als im Feld (BAHRANI & McVETTY 2008).

Ein weiterer Aspekt sind die Interaktionen zwischen Glucosinolatgehalt und der Umwelt. So wiesen CARTEA et al. (2008) in ihrem zweiortigen Versuch mit 36 *Brassica napus* var. *pabularia*-Genotypen extreme Unterschiede im Blattglucosinolatgehalt der einzelnen Genotypen über die beiden Orte nach. Im Extremfall lag der Unterschied zwischen den beiden Orten für einen Genotyp bei fast 40 $\mu\text{mol/g}$ TM, in vielen anderen Fällen bei gut 20 $\mu\text{mol/g}$ TM.

Außerdem kann auch die Probenahme an sich zu Unterschieden im Glucosinolatgehalt führen. Die Proben für die vorliegende Studie konnten im Gewächshaus/Labor genommen werden und direkt nach der Probenahme in flüssigem Stickstoff tiefgefroren und später gefriergetrocknet werden, wodurch der bei Verletzung der Blätter einsetzenden Abbau der Glucosinolate durch das Enzym

Myrosinase schnell und wirkungsvoll unterbunden wird. Die Proben von CLEEMPUT & BECKER (2011) hingegen mussten im Feld genommen werden. Sie wurden anschließend für die Dauer der Probenahme und des Transportes gekühlt und danach bei 60°C im Trockenschrank getrocknet. Bei dieser Methode muss mit einem Glucosinolatverlust um die 40% gerechnet werden (STEPHANI 1985).

Neben den sehr großen Unterschieden in den Blattglucosinolatgehalten, fand sich in den Einzelkorn-GC-Analysen der Wild-Arten auch eine sehr große Variation in den Fettsäuremustern, sowohl innerhalb der Arten als auch zwischen den Arten.

So konnte unter anderem beobachtet werden, dass *Brassica villosa*- und *Brassica rupestris*-Akzessionen tendenziell die höchsten Erucasäuregehalte und die geringsten Palmitinsäuregehalte im Vergleich mit den anderen untersuchten Arten aufwiesen. Bei diesen beiden Arten dominierte außerdem häufig der Linol- und Linolensäuregehalt über den Ölsäuregehalt. Da diese Beobachtungen anhand der Untersuchungen von einzelnen Samen gemacht wurden, ist ihre Aussagekraft begrenzt. Hier müssten weitere Analysen mit mehr Samenmaterial folgen. Die erzielten Ergebnisse passen aber zu denen von VELASCO et al. (1998).

4.3 Agronomische Eigenschaften der Resynthesen

Die meisten Resynthesen, insbesondere die Wild-Resynthesen erwiesen sich als schwierig handhabbar. Zu Beginn des Projektes gab es von vielen der Resynthesen kein oder nur wenig Saatgut. Die Pflanzen, die über Embryo-Rescue aus Kreuzungen von Rübsen und verschiedenen *Brassica*-Wildarten erstellt wurden, waren zum Teil schwer vermehrbar. Viele zeigten eine hochgradige Selbstinkompatibilität, so dass sie in Handarbeit knospenbestäubt werden mussten, um die Selbstinkompatibilität zu brechen. Selbstinkompatibilität ist bei resynthetisiertem Raps, anders als beim auf Selbstfertilität selektiertem Rapszuchtmaterial, ein häufig zu beobachtendes Problem (vgl. AHMADI 1988), da seine Ausgangsformen in der Regel ebenfalls selbstinkompatibel sind. Eine Ausnahme hiervon bildet der Rübentyp ‚Yellow Sarson‘. Ein weiteres Problem war, dass viele der Resynthesen noch amphihaploid waren und auf die Colchizinbehandlung zur Aufdoppelung ihrer Chromosomensätze nur bedingt ansprachen, so dass die Behandlung mehrfach wiederholt werden musste. In

vielen Fällen konnte dabei die Bildung von Chimären-Pflanzen beobachtet werden, bei denen die Colchizinierung nur partiellen Erfolg zeigte.

Im Beobachtungsanbau der Resynthesen offenbarten sich weitere Probleme. Viele der geprüften Genotypen zeigten erwartungsgemäß eine nur unzureichende Winterhärte, da sie sowohl von der A-Genomseite als auch von der C-Genomseite auf Sommertypen zurückgehen. Besonders betroffen waren davon die mit dem Sommerrübsen ‚Yellow Sarson‘ erstellten Formen. Wild-Resynthesen, die hingegen mit dem Winterrübsen ‚Largo‘ erstellt wurden, zeigten eine deutlich bessere Winterfestigkeit, obwohl die auf der C-Genomseite verwendeten Wildkohllarten aufgrund ihrer meist mediterranen Herkunft (vgl. LANNÉR et al. 1997, GLADIS & HAMMER 2003) keine oder eine nur sehr geringe Winterfestigkeit aufwiesen. Einige der Resynthesen neigten zudem zu erhöhter Krankheitsanfälligkeit (vgl. GIRKE 2002), insbesondere gegen *Phoma lingua*.

Die Anzahl der Genotypen im Beobachtungsanbau der Resynthesen schrumpfte aufgrund der hohen Auswinterungsverluste, die durch den kalten und langen Winter 2009/2010 noch verschärft wurden, an den in Deutschland gelegenen Versuchsstandorten stark zusammen. Lediglich an dem Standort Impington in Großbritannien überlebten alle dort angebauten Genotypen.

Die Ergebnisse der untersuchten agronomischen Merkmale, insbesondere aber die Ergebnisse der Samenglucosinolanalysen der Resynthesen vom Standort Impington (GB) unterstreichen die extreme phänotypische Variationsbreite des untersuchten Resynthesematerials. Diese spiegelt sich ebenfalls in Form der genotypischen Variation in den Markeranalysen wieder.

Die Ergebnisse der Einzelkorn-GC, die an Gewächshausmaterial durchgeführt wurde, weisen starke Unterschiede zwischen den einzelnen Genotypen nach. Der Erucasäuregehalt liegt z.B. zwischen ~1% und ~62%. Eine hohe Variationsbreite der Fettsäuremuster der Resynthesen konnte auch bei den GC-Analysen für den Standort Impington (GB) sowie den NIRS-Analysen der übrigen Standorte beobachtet werden. Die Werte für den Erucasäuregehalt liegen hier insgesamt niedriger. Dabei ist aber zu berücksichtigen, dass diese Untersuchungen an Samenmaterial von offen abgeblühten Pflanzen durchgeführt wurden und die Fettsäuremuster der Samen nicht nur maternal bedingt sind, sondern auch durch den Genotyp des bestäubenden Pollens beeinflusst werden (HOM 2004). Alternativ hätte eine Isolation der Blütenstände mittels Crispack-Tüten durchgeführt werden

können, um die Pflanzen zu selbst. Dies hätte aufgrund der teilweise hohen Selbstinkompatibilität der Resynthesen den Samenansatz stark verringert. Außerdem ist bei der Selbstung unter Crispack-Tüten ein negativer Effekt auf den Ölgehalt der Samen sowie auf die Gesundheit der unter den Tüten befindlichen Pflanzenteile zu beobachten.

Im Gegensatz zu den Resynthesen, weisen die Standards (angepasste Winterrapsorten) ziemlich einheitliche Fettsäuremuster auf. Ihr Ölgehalt liegt in der Regel jedoch signifikant höher, als der der Resynthesen. Diese Beobachtung deckt sich mit den Ergebnissen von GIRKE (2002) und ENGQVIST & BECKER (1994). Beim Glucosinolatgehalt weisen die Resynthesen sehr viel höhere Werte als die Standards auf. Dies liegt vor allem an den in der Regel hohen Glucosinolatgehalten ihrer Elternarten (vgl. GLAND 1982; VELASCO & BECKER 2000), wohingegen das heutige angepasste Zuchtmaterial durch Einkreuzung der alten glucosinolatarmen polnischen Sommerrapsorte ‚Bronowski‘ und anschließende konsequente Selektion sehr niedrige Glucosinolatgehalte aufweist (RÖBBELEN & RAKOW 1979). Die Glucosinolatmuster unterscheiden sich ebenfalls grundlegend von den denen der Standardsorten, die aufgrund der Selektion auf niedrige Glucosinolatgehalte einen deutlich niedrigeren prozentualen Anteil an Alkenylglucosinolaten und einen deutlich höheren Anteil an Indolglucosinolaten aufweisen. Dies erklärt sich dadurch, dass die gezielte Selektion auf niedrige Glucosinolatgehalte vorwiegend gegen die Alkenylglucosinolate gerichtet war (RUCKER & RUDLOFF 1992), wohingegen der Indolglucosinolatgehalt konstant blieb (MITHEN 1992).

Auch untereinander zeigten die Resynthesen eine große Variation in ihren Glucosinolatmustern. Es fielen vor allem die Wildresynthesen auf, deren Hauptglucosinolat in der Regel Gluconapin war, wohingegen die meisten klassischen Resynthesen Progoitrin als Hauptglucosinolat enthielten. Diese Unterschiede können unter anderem an der Wahl der, für die Resyntheseerstellung genutzten Eltern liegen. So ist z.B. für *Brassica rapa* ssp. *trilocularis*, die in vielen Fällen als Mutter bei der Erstellung der Wild-Resynthesen diente, bekannt, dass sie Gluconapingehalte im Samen von > 90% aufweisen kann (VELASCO & BECKER 2000). Es gibt aber bei anderen Rübsen- und Kohlformen (sowohl Wild- als auch Kulturformen) sehr große Unterschiede in ihren Glucosinolatmustern (VELASCO & BECKER 2000). Bei Resynthesen wurden

außerdem in Bezug auf die Ausprägung ihrer Glucosinolatmuster große genomische Interaktionen beobachtet, so dass sie in ihren Mustern nicht zwangsläufig ihren Elternformen entsprechen müssen (GLAND 1982).

Insgesamt unterscheiden sich die Resynthesen und ganz besonders die Wild-Resynthesen in annähernd allen beobachteten und erfassten Merkmalen extrem vom angepassten Zuchtmaterial.

4.4 Agronomische Eigenschaften der Testkreuzungen

4.4.1 Erstellung der Testkreuzungen

Die Erstellung der Testkreuzungen mit den Resynthesen erfolgte bei den Züchtern NPZ und Syngenta, wobei es eine Reihe von Schwierigkeiten gab.

Durch die beschriebene Selbstinkompatibilität vieler Resynthesen standen für die Testkreuzungen in vielen Fällen nur eine geringe Anzahl Pflanzen je Resynthesen als Pollenspender zur Verfügung. Dies betraf vor allem die Wild-Resynthesen. Ein weiteres Problem ergab sich aus der geringen Winterfestigkeit der Resynthesen, die eine Anzucht der Resynthesen im Gewächshaus erforderlich machte. Die Resynthesen wurden anschließend im Frühjahr 2009 zwischen die bereits im Herbst 2008 im Feld ausgedrillten männlich sterilen Tester gepflanzt. Dies hatte zur Folge, dass die gedrillten Tester einen großen Wachstumsvorsprung hatten und damit einen großen Konkurrenzdruck gegenüber den in den meisten Fällen schwachwüchsigen resynthetisierten Rapsformen aufbauten. Auch die Blüte der Tester setzte in vielen Fällen deutlich früher ein als die der Resynthesen, wodurch es erforderlich wurde, die Tester zum Teil mehrfach zurückzuschneiden, um so ihre Blütezeit zu verlängern. Durch diese unglücklichen Umstände kam es bei vielen Testkreuzungen zu nur geringen Bestäubungserfolgen und daraus resultierend zu geringen Erntemengen. Bei einigen der geplanten Testkreuzungen konnte bei den Züchtern gar kein Saatgut geerntet werden. Auch dieses Problem betraf vor allem die besonders unangepassten Wildresynthesen.

Des Weiteren musste bei einer Reihe von „Testkreuzungen“ mit dem Tester ‚RNX 4621‘ festgestellt werden, dass ihre Samen keinen oder nur einen sehr geringen Erucasäure- und Glucosinolatgehalt aufwiesen. Da aber alle für die Testkreuzungen verwendeten Resynthesen, bis auf drei bekannte Ausnahmen, Erucasäure enthielten und außerdem hohe Glucosinolatgehalte aufwiesen, ist

davon auszugehen, dass es sich bei den Genotypen ohne Erucasäure und mit niedrigem Glucosinolatgehalt nicht um Testkreuzungen handelt. Möglicherweise gehen diese Saatgutpartien auf Selbstungen der Tester (falls diese teilweise doch fertile Blüten bildeten) zurück oder es handelt sich um Kreuzungen der Tester mit anderen Genotypen, da die Isoliernetze nicht 100%ig Pollendicht sind. Das Saatgut dieser „Kreuzungen“ konnte somit nicht in den Versuchen verwendet werden.

Bei der Erstellung der Testkreuzungen im Gewächshaus konnte gezeigt werden, dass es prinzipiell möglich gewesen wäre, alle geplanten Testkreuzungen herzustellen. Da die Testkreuzungsproduktion im Gewächshaus aber nur in sehr kleinem Umfang stattfinden konnte, konnten hier nur sehr geringe Saatgutmengen produziert werden, die für die Anlage größerer Feldversuche nicht ausreichend waren. Einige wenige Genotypen konnten aufgrund der Gewächshauskreuzungen allerdings zusätzlich mit in den Beobachtungsanbau der Testhybriden aufgenommen werden.

Als Konsequenz aus den Erfahrungen bei der Testkreuzungsproduktion sollte in Betracht gezogen werden, hier in Zukunft anders vorzugehen. Eine Möglichkeit wäre es, sowohl die Tester als auch die vorgesehenen Pollenspender im Herbst und Winter im Gewächshaus vorzuziehen und im Frühjahr gemeinsam ins Feld zu pflanzen. Noch besser wäre es, experimentelle Testkreuzungen grundsätzlich im Gewächshaus zu erstellen, dieses würde jedoch einen größeren Arbeitsaufwand zur Folge haben.

4.4.2 Beobachtungsanbau und Leistungsprüfungen der Testkreuzungen

Im Vergleich mit den für ihre Erstellung verwendeten Resynthesen zeigten annähernd alle Testkreuzungen eine deutlich bessere Winterfestigkeit. Offenbar reichte der genetische Hintergrund der angepassten Tester aus, um eine gute Winterfestigkeit der Testhybriden zu gewährleisten. Die schlechtesten Werte für die Winterfestigkeit wurden bei Testhybriden mit Resynthesen beobachtet, welche aus Kreuzungen von ‚Yellow Sarson‘ mit *Brassica oleracea*-Wildformen erstellt wurden. Testkreuzungen mit Wild-Resynthesen unter Beteiligung von ‚Yellow Sarson‘ und anderen *Brassica*-Wildarten zeigten bessere Winterfestigkeit. Dies ist erstaunlich, da *Brassica oleracea* die am nördlichsten verbreitete Wildart ist (vgl. LANNÉR et al. 1997, GLADIS & HAMMER 2003). Akzessionen dieser Art sind unter

den für die Resyntheseerstellung verwendeten *Brassica*-Wildarten am ehesten in der Lage mitteleuropäische Winter zu überstehen. Die mediterranen Kohlarten müssen hingegen in der Lage sein in ihren Verbreitungsgebieten längere teils extreme Trockenphasen zu überstehen. Da bekannt ist, dass Froststress und Trockenstress bei Pflanzen gleiche bzw. ähnliche physiologische Reaktionen auslösen (BECK et al. 2007; SCHOPFER & BRENNICKE 2010), könnte sich das Zusammenwirken der guten Frosttoleranz der Tester mit der vermutlich besseren Trockentoleranz der mit mediterranen Kohlarten erstellten Wild-Resynthesen positiv auf die Winterfestigkeit der Testkreuzungen ausgewirkt haben. Diese hypothetische Annahme müsste aber experimentell untersucht werden.

Die Testkreuzungen zeigten im Bezug auf die erfassten agronomischen Merkmale, wie die Resynthesen auch, eine hohe Variabilität. Im Gegensatz zu den Resynthesen waren sie aber besser angepasst und in einigen Merkmalen den Standards ähnlicher, so z.B: für die bereits angesprochene Winterfestigkeit. Auch der Ölgehalt der Testkreuzungen lag für die Genotypen im Beobachtungsanbau im Schnitt nur 1,4% unter dem der Standards. Für die Genotypen, die in den Leistungsprüfungen vertreten waren, betrug der Unterschied zu den Standards im Mittel nur noch ~0,5% und war damit nicht mehr signifikant. Dennoch zeigten insbesondere Testkreuzungen unter Beteiligung von Wild-Resynthesen deutlich niedrigere Ölgehalte als die Standards. Zu berücksichtigen ist dabei außerdem, dass die weitaus meisten Testkreuzungen, im Gegensatz zu den Standards Allele für Erucasäure tragen, die einen positiven Effekt auf den Gesamtölgehalt haben (ECKE et al. 1995). Ohne diese Allele würden die Testkreuzungen vermutlich noch geringere Ölgehalte aufweisen.

In den Leistungsprüfungen zeigten nur drei aus ‚MSL 007‘ und klassischen Resynthesen erstellte Genotypen höhere Ölgehalte als die als Standard verwendete fertile Form von ‚MSL 007‘. Der höchste Ölertrag war bei der Kreuzung mit der Resynthese ‚S 13‘ zu beobachten, die bei den Markeranalysen im Dendrogramm zusammen mit dem Winterraps clusterte, also eine geringe genetische Distanz zum Winterraps aufwies.

Bei den Glucosinolatanalysen der Samen zeigte sich, sowohl im Gesamtglucosinolatgehalt, als auch im Glucosinolatmuster eine große Variationsbreite. Während die Standards niedrige Glucosinolatgehalte (~20 µmol/g) aufwiesen, reichte die Spanne bei den Testhybriden von ~29 µmol/g bis ~142 µmol/g, wobei

die höchsten Werte bei Testkreuzungen unter Beteiligung von Wildresynthesen zu beobachten waren. Weiterhin zeigte sich für Testhybriden, die mit ‚RXN 4621‘ erstellt wurden, ein im Mittel gut 14 µmol/g niedrigerer Glucosinolatgehalt als bei Testhybriden mit ‚MSL 007‘. Dies liegt wahrscheinlich darin begründet, dass für die ‚RXN 4621‘-Testkreuzungsserie die Resynthese/Tester Kombinationen fehlten, die bei den ‚MSL-007‘-Hybriden die höchsten Gehalte aufwiesen. Bei den Glucosinolatmustern fiel auf, dass bei fast allen Testhybriden, mit wenigen Ausnahmen, Progoitrin das Hauptglucosinolat darstellte. Bei den Ausnahmen handelte es sich vorwiegend um Kreuzungen mit Wild-Resynthesen. Bei ihnen stellte Gluconapin das Glucosinolat mit dem größten prozentualen Anteil. Auch andere Testkreuzungen, vor allem solche unter Beteiligung von Wild-Resynthesen, zeigten hohe Gluconapingehalte. Dies korreliert gut mit den Ergebnissen der Resynthesen. Die Testkreuzungen wiesen im Vergleich mit den Resynthesen einen deutlich erhöhten Anteil an Indolglucosinolaten auf. Bei den Resynthesen betrug dieser im Mittel 6%; bei den Testkreuzungen lag er im Mittel bei 12% und damit annähernd doppelt so hoch. Bei den Standards lag der Anteil mit ~30% noch deutlich höher. Der hohe Indolglucosinolatgehalt der Standards liegt, wie im Abschnitt 4.3 erläutert, in der züchterischen Bearbeitung des Glucosinolatgehaltes begründet (vgl. RUCKER & RUDLOFF 1992, MITHEN 1992). Insgesamt unterscheiden sich die Glucosinolatmuster in den meisten Fällen deutlich von denen ihrer Ausgangseltern und zeigen zum Teil überraschend hohe Gesamtglucosinolatgehalte. Diese liegen bei den Testkreuzungen in vielen Fällen etwa genauso hoch wie die für die Resynthesen ermittelten Werte (sowohl wenn man die mit NIRS ermittelten Werte betrachtet, als auch bei den HPLC-Werten). In einigen Fällen liegen die Werte aber auch noch höher und nur in wenigen niedriger, obwohl die für die Testhybridproduktion verwendeten Tester beide nur geringe Glucosinolatgehalte aufweisen. Dies beruht höchstwahrscheinlich auf einer sehr großen Interaktion der Genome der beiden Kreuzungspartner, wie sie bei GLAND (1982) für Resynthesen beschrieben wurde.

Für den Ertrag zeigte sich in den Leistungsprüfungen, dass bis auf ganz wenige Ausnahmen alle Testkreuzungen mindestens das Ertragsniveau ihrer Mütter erreichten. Viele waren sogar deutlich besser, aber keine war besser als die als Standard verwendete Hybridsorte ‚Visby‘. Die höchsten Erträge erbrachten

Testkreuzungen mit klassischen Resynthesen, darunter auch die drei, die den höchsten Ölgehalt aufwiesen. Im Gegensatz dazu zeigten die meisten mit Wild-Resynthesen Erträge, die in etwa auf Höhe der Erträge der Tester oder nur wenig darüber lagen. Nur sieben Testkreuzungen mit Wild-Resynthesen erreichten Erträge, die über dem Mittelwert der Erträge der Testhybriden von 39,2 dt/ha lagen. Für die Testkreuzungen, deren Erträge unterhalb der Erträge der Tester lagen, stellte sich heraus, dass dies mit mangelnder Winterhärte einherging. Betrachtet man die Erträge dieser Testhybriden, die an den einzelnen Versuchsstandorten erzielt wurden, so fällt auf, dass sie nur an einigen Standorten schlechte Ergebnisse erbrachten, an anderen aber deutlich über den Erträgen der Tester lagen. In Abbildung 4-1 ist diese Beobachtung exemplarisch für alle neun Leistungsprüfungsstandorte für den Genotyp ‚MSL 007 x J 161‘ im Vergleich mit dem Tester ‚MSL 007‘ dargestellt.

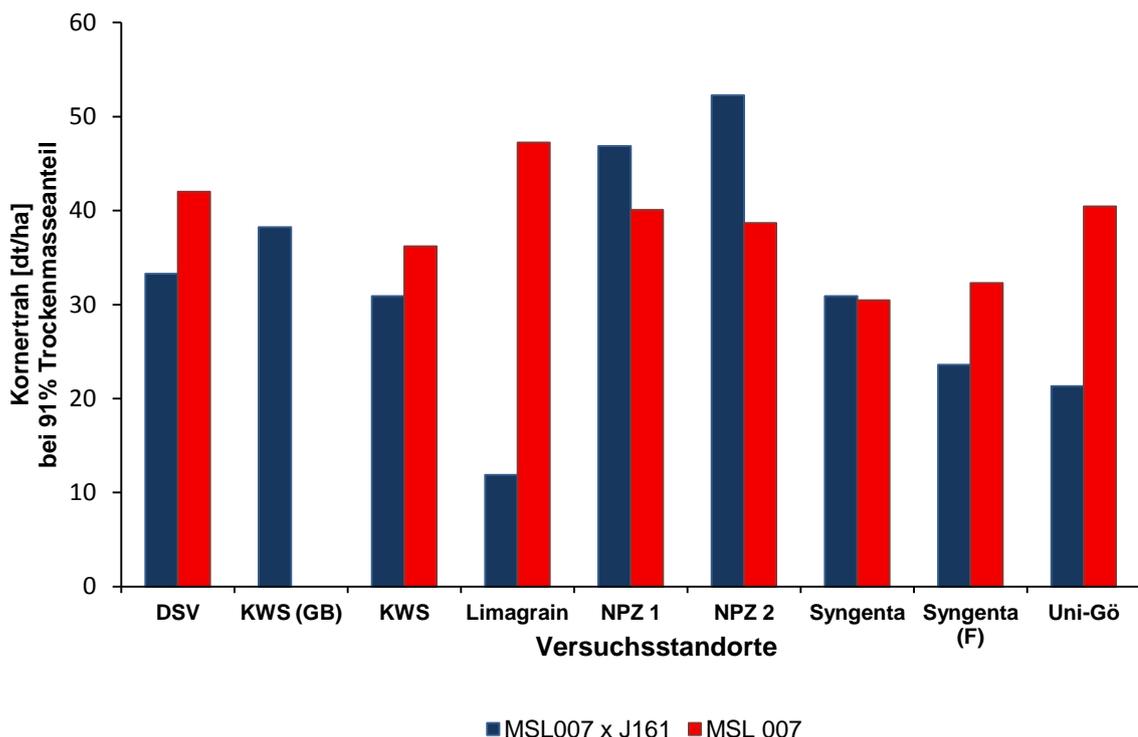


Abb. 4-1: Vergleich der Kornträge des Testhybriden ‚MSL 007 x J 161‘ mit denen der als Standard verwendeten fertilen Form von ‚MSL 007‘ über die einzelnen Versuchsstandorte.

Versucht man die für die einzelnen Testhybriden ermittelten Erträge in Beziehung zur genetischen Distanz ihrer Eltern zusetzen, so ist mit $r = -0,29$ eine leicht negative Korrelation zu beobachten (Abb. 4-2).

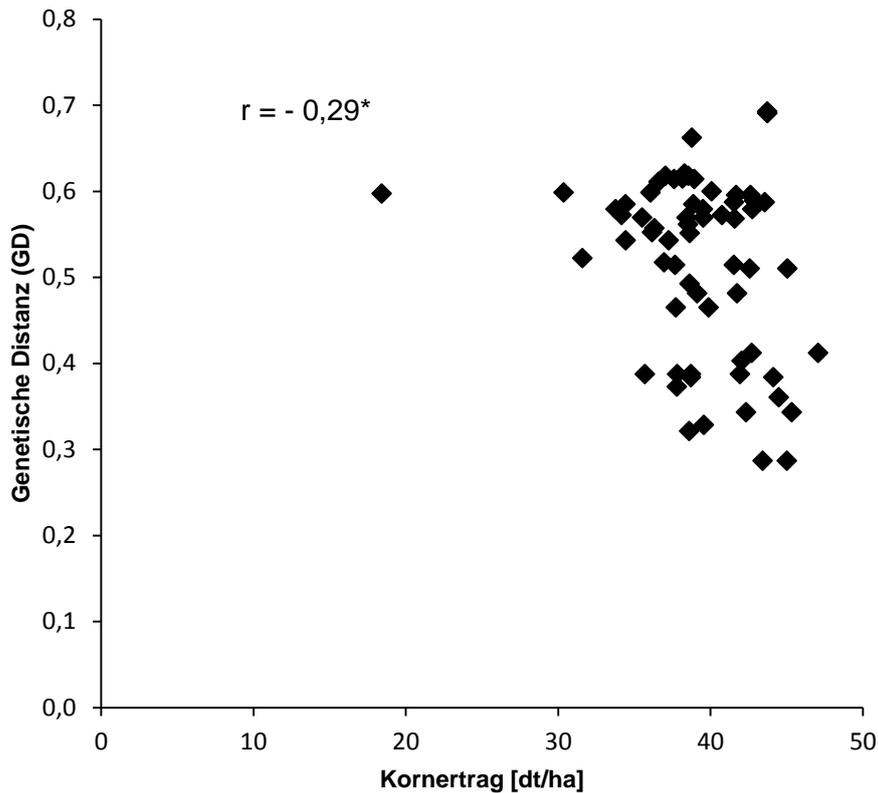


Abb. 4-2: Korrelation zwischen der genetischen Distanz (zwischen den Testern und den für die Testkreuzungen verwendeten Resynthesen) und dem Kornertrag der Testhybriden; * =signifikant (P = 0,1)

Ähnliche Beobachtungen machte auch GIRKE (2002). Es scheint so zu sein, dass die Resynthesen mit der höchsten genetischen Distanz auch die schlechteste Anpassung aufweisen. Dies würde auch den Erwartungen entsprechen, da die größten genetischen Distanzen vor allem bei Resynthesen, die aus der Sommerübsenform ‚Yellow Sarson‘ und mediterranen Wildkohllarten entstanden sind, zu beobachten waren. Eine gute Anpassung an mitteleuropäische Umweltbedingungen ist für diese Resynthesen als eher unwahrscheinlich anzusehen.

4.5 Fazit und Ausblick

Die untersuchten Resynthesen, insbesondere die, die mit *Brassica*-Wildarten erstellt wurden, stellen aufgrund ihrer zum Teil sehr hohen genetischen Distanzen zum angepassten Zuchtmaterial ein sehr diverses und für die Rapszüchtung hoch interessantes Material dar.

Sie enthalten möglicherweise eine Reihe interessanter neuer Eigenschaften, wie z.B. Resistenzen gegen Schadorganismen, Anpassungen an Stressbedingungen oder auch ungewöhnliche Blattglucosinolatmuster, die, wie Untersuchungen von EICKERMANN (2008) zeigten, Einfluss auf Schädlinge haben können.

Die großen genetischen Distanzen bedingen aber auch eine Reihe negativer Eigenschaften, die die positiven Eigenschaften überdecken können. Hier besteht daher weiterer Forschungsbedarf.

Um die Wildresynthesen für die Züchtung nutzbar zu machen, sollte in einem Folgeprojekt versucht werden, die Allele für die negativsten Eigenschaften der Resynthesen durch positive Allele aus dem angepassten Zuchtmaterial zu ersetzen. Beispielsweise müsste die Winterfestigkeit des Materials verbessert, die zum Teil vorhandenen Selbstinkompatibilitäten vermindert sowie die Anfälligkeit gegenüber Phoma verringert werden. Ferner wären der niedrige Ölgehalt, der Erucasäuregehalt und der hohe Glucosinolatgehalt im Samen als negative Eigenschaften zu nennen.

Um dieses Ziel zu erreichen könnten zum Beispiel Kreuzungen der Resynthesen mit einer angepassten Winterrapslinie durchgeführt werden, welche anschließend ein oder mehrfach mit dem Resyntheseelter rückgekreuzt werden könnten, um dann DH Populationen zu erstellen. In diesen könnte dann möglichst markergestützt gegen die unerwünschten Eigenschaften selektiert werden. Auf diese Weise wäre es möglich ein Material zu erhalten, welches einerseits noch zu einem hohen Prozentsatz die interessanten Allele der Resynthesen beinhalten würde, andererseits aber weniger negative Eigenschaften und eine verbesserte Anpassung aufweisen würde.

5 Zusammenfassung

Die genetische Basis des für die Rapszüchtung zur Verfügung stehenden Rapsmaterials ist im Vergleich zu anderen Kulturarten, die schon seit sehr langer Zeit vom Menschen genutzt werden, eng begrenzt. Dies resultiert einerseits daraus, dass der Raps (*Brassica napus*) erst seit wenigen Jahrzehnten eine größere Rolle in der Züchtung spielt und andererseits eine entwicklungs- geschichtlich sehr junge Art ist. Um auf Dauer aber eine erfolgreiche Züchtung gewährleisten zu können, ist eine möglichst große genetische Diversität im Zuchtmaterial notwendig.

Da Raps eine amphidiploide Art ist, deren evolutionärer Ursprung in einer spontanen Kreuzung zwischen Rübsen (*Brassica rapa*; A-Genome) und Kohl (*Brassica oleracea*, C-Genom) liegt, lassen sich durch artifizielle Kreuzung dieser beiden Ursprungseltern neue „resynthetisierte“ Rapsformen erstellen. Derartige Resynthesen können genutzt werden, um neue züchterisch interessante Allele zu finden. Für die Erstellung von Resyntheseraps wurden als *Brassica oleracea*-Elter bisher fast ausschließlich Gemüseformen eingesetzt. Neben den *Brassica oleracea*-Gemüseformen gibt es aber vor allem im mediterranen Raum noch eine ganze Reihe von *Brassica oleracea*-Wildformen bzw. nah verwandten *Brassica*-Arten die potentiell für die Erstellung von Resynthesen genutzt werden können. Diese Arten zeigen eine hohe genetische Diversität. Ihr züchterisches Potential ist bisher weitgehend ungenutzt.

Ziel dieser Arbeit war es, das Potential der Wildarten über ihre Verwendung als Elter zur Erstellung von resynthetisiertem Raps für die Pflanzenzüchtung verfügbar zu machen. Dabei gab es drei Fragestellungen:

- (1) Zeigen Resynthesen, die mit *Brassica*-Wildarten erstellt wurden, eine größere genetische Distanz zum angepassten Zuchtmaterial als Resynthesen die mit *Brassica oleracea*-Kulturformen erstellt wurden? Stellen sie tatsächlich eine Erweiterung des für die Rapszüchtung nutzbaren Genpools dar?
- (2) Welche agronomischen Eigenschaften weisen derartige Resynthesen auf?
- (3) Wie gut ist die Kombinationseignung derartiger Resynthesen in Kreuzungen mit angepasstem Winterrapszuchtmaterial?

Um die genetische Distanz der Resynthesen zum angepassten Zuchtmaterial zu ermitteln, wurden für insgesamt 126 Rapsgenotypen AFLP-Analysen durchgeführt. Die 126 untersuchten Genotypen setzten sich aus 44 verschiedenen Resynthesen, die mit elf verschiedenen das C-Genom tragenden *Brassica*-Wildarten erstellt wurden (Wild-Resynthesen) sowie 27 klassischen Resynthesen (Resynthesen unter Einbeziehung von *B. oleracea*-Gemüseformen) und 55 Genotypen aus dem angepassten Zuchtmaterial zusammen. Das untersuchte Zuchtmaterial enthielt ein breitgefächertes Sortiment von Winter-, Sommer- und chinesischen Rapsorten sowie einigen Gemüseformen.

Zur Prüfung der agronomischen Eigenschaften wurde für 70 Resynthesen zusammen mit zehn Standards (angepasste Winterrapsorten) im Versuchsjahr 2009/2010 ein Beobachtungsanbau an insgesamt acht Standorten (sechs in Deutschland, zwei in Großbritannien) angelegt. Die Erfassung der agronomischen Eigenschaften erfolgte sowohl im Feld, wie auch nach der Ernte durch verschiedene Qualitätsanalysen der Samen im Labor.

Des Weiteren wurden Kreuzungen von 65 Resynthesen, darunter die Wild-Resynthesen, mit zwei unterschiedlichen männlich sterilen Testern aus dem angepassten Winterrapsmaterial durchgeführt. Die aus diesen Kreuzungen resultierenden Testhybriden wurden anschließend im Anbaujahr 2009/2010 in Leistungsprüfungen mit sieben Standorten in Deutschland, sowie jeweils einem Standort in Frankreich und Großbritannien geprüft. Außerdem wurde für weitere Testhybriden ein Beobachtungsanbau an den gleichen acht Standorten wie für die Resynthesen angelegt. Auch für diese Versuche wurden die agronomischen Eigenschaften erfasst.

In den AFLP-Analysen konnte die bereits gut untersuchte enge genetische Verwandtschaft des Zuchtmaterials aufgezeigt werden. Die mittlere genetische Distanz (GD) über das gesamte Zuchtmaterial betrug 0,35. Innerhalb der Gruppen des Zuchtmaterials lag sie mit 0,29 beim Winterraps und 0,28 im Sommerrapsmaterial noch niedriger. Lediglich chinesische Sorten sowie die in die Untersuchungen einbezogenen Rapsgemüseformen erreichten mit 0,37 bzw. 0,41 etwas höhere mittlere GD-Werte. Das Resynthesematerial hingegen hob sich deutlich vom Zuchtmaterial ab und zeigte hohe bis sehr hohe genetische Distanzen, sowohl zum Zuchtmaterial als auch innerhalb der beiden

Resynthesegruppen (klassische Resynthesen, Wild-Resynthesen). Die mittlere GD zum Zuchtmaterial betrug bei den klassischen Resynthesen 0,52. Auch innerhalb der Gruppe der klassischen Resynthesen ließ sich eine hohe mittlere GD von 0,55 beobachten. Für die Wild-Resynthesen konnten erwartungsgemäß die höchsten genetischen Distanzen beobachtet werden. Die mittlere Distanz lag zu allen untersuchten Gruppen bei 0,61 bzw. 0,62 und innerhalb der Gruppe bei 0,59. Bei Vergleichen zwischen zwei Genotypen unter Einbeziehung einer Wild-Resynthese konnten im Extremfall genetische Distanzen $> 0,75$ beobachtet werden.

Im Rahmen einer Bachelorarbeit wurden 40 verschiedene Wildkohl-Akzessionen aus 10 verschiedenen Arten (*B. bourgeauii*, *B. cretica*, *B. incana*, *B. insularis*, *B. macrocarpa*, *B. montana*, *B. oleracea*, *B. rupestris*, *B. taurica* und *B. villosa*) hinsichtlich ihrer Blattglucosinolatmuster charakterisiert.

Dabei zeigte sich, dass es sowohl für den Blattglucosinolatgehalt wie auch für die Blattglucosinolatmuster eine sehr hohe Variationsbreite gibt. Die Höhe des festgestellten Blattglucosinolatgehaltes schwankte zwischen $\sim 10 \mu\text{mol/g TM}$ und $\sim 120 \mu\text{mol/g TM}$. Bei den Blattglucosinolatmustern konnten insgesamt zwölf verschiedene Glucosinolate nachgewiesen werden, die in den untersuchten Akzessionen in ganz unterschiedlichen Musterzusammensetzungen vorkamen.

Auch die Resynthesen zeigten in phänotypischer Hinsicht eine breite Variation. Insbesondere bei den Samenglucosinolatanalysen konnten große Unterschiede sowohl im Gesamtgehalt als auch in den Glucosinolatmustern festgestellt werden. Besonders die Wildresynthesen zeigten hier auffällige Muster. In vielen Fällen enthielten sie zu mehr als 80% das Glucosinolat Gluconapin während die meisten anderen Resynthesen als Hauptglucosinolat Progoitrin mit in der Regel unter 60% enthielten. Insgesamt konnten in den Samen 12 verschiedene Glucosinolate in sehr unterschiedlicher Menge und Zusammensetzung gefunden werden.

Aufgrund ihrer schlechten Anpassung an die Bedingungen im Feld zeigten die Resynthesen in vielen anderen agronomisch interessanten Merkmalen jedoch äußerst schlechte Leistungen. So wiesen sie in der Regel niedrige Ölgehalte auf und waren in den meisten Fällen schwachwüchsig. Das größte Defizit war aber

ihre geringe Winterfestigkeit, da viele der Resynthesen auf nicht winterfeste Eltern zurückgehen.

Die Testkreuzungen aus den Resynthesen und zwei angepassten Testern zeigten hingegen erstaunlich gute Leistungen. Die meisten wiesen eine akzeptable Winterfestigkeit auf und erbrachten in den Leistungsprüfungen Erträge, die in den meisten Fällen mindestens genauso gut und in vielen Fällen auch deutlich höher als die der Tester ausfielen. Einige wenige erreichten annähernd die Ertragswerte der als Standard verwendeten Hybridsorte ‚Visby‘.

Insgesamt zeigen die Ergebnisse dieser Arbeit, dass es möglich ist die große Diversität der *Brassica*-Wildarten, die auch bei ihrer Charakterisierung in Bezug auf die Blattglucosinolate deutlich wurde, für die Rapszüchtung verfügbar zu machen. Resynthesen und insbesondere Resynthesen mit Wildarten können sehr interessant für den Einsatz in der Züchtung sein. Sie weisen teilweise sehr große genetische Distanzen zum angepassten Zuchtmaterial auf und stellen somit eine eindrucksvolle Erweiterung des Raps-genpools dar. Es ist zu vermuten, dass sie eine Reihe züchterisch interessanter Allele für Eigenschaften, wie z.B. Stresstoleranzen oder Resistenzen gegen Schadorganismen in sich tragen. Aufgrund ihrer schlechten Eigenleistungen die möglicherweise die in ihnen enthaltenen positiven Eigenschaften überdecken, muss aber in Zukunft in die Verbesserung ihrer agronomischen Merkmale investiert werden. Insbesondere wäre hier die schlechte Winterfestigkeit zu nennen, aber auch andere Eigenschaften wie Ölgehalt, Samenqualität oder Krankheitsanfälligkeit sind verbesserungswürdig.

6 Literaturverzeichnis

- AHMADI, M.R. (1988): Charakterisierung der genetischen Variabilität von amphidiploiden resynthetischen Rapsformen und deren Ausgangseltern. – Dissertation an der Georg-August-Universität Göttingen.
- ALLENDER, C.J. & KING, G.J. (2010): Origin of the amphiploid species *Brassica napus* L. investigated by chloroplast and nuclear molecular markers. – *BMJ Plant Biology* **10**:54.
- AMAR, S., BECKER, H.C. & MÖLLERS, C. (2009): Genetic variation in phytosterol content of winter rapeseed (*Brassica napus* L.) and development of NIRS calibration equations. – *Plant Breeding* **128**, 78 – 83.
- BACKHAUS, K., ERICHSON B., PLINKE W. & WEIBER, R.. (1990): Multivariate Analysemethoden. - Springer Verlag, Berlin, 6. Aufl.: 115-160.
- BAHRANI, J. & MCVETTY P.B.E. (2008): Relationship of seed quality traits for greenhouse-grown versus field-grown high erucic acid rapeseed: Is seed quality trait selection for greenhouse-grown seed worthwhile? - *Canadian Journal of Plant Science* **88**: 419 – 423.
- BECK, E.H., FETTIG, S., KNAKE, C. HARTIG, K. & BHATTARAI, T. (2007): Specific and unspecific responses of plants to cold and drought stress. - *J. Biosci.* **32** (3): 501 - 510
- BECKER, H.C, ENGQVIST, G.M. & KARLSSON, B. (1995): Comparison of rapeseed cultivars and resynthesized lines based on allozyme and RFLP markers. – *Theor. Appl. Genet.* **91**: 62-67.
- BECKER, H.C., LÖPTIEN, H. & RÖBBELEN, G. (1999): Breeding: an overview. In: Gómez-CAMPO, C. (ed.) *Biology of Brassica Coenospecies*. – Elsevier Amsterdam: 413 - 460.
- BECKER, H.C. (2001): Nutzung genetischer Ressourcen in der Pflanzenzüchtung. - In: HAMMER, K. & GLADIS, T. (Hrsg.): *Schriften zu Genetischen Ressourcen*, Band **16**: 79 - 90
- BMELV (2010): Ernte 2010: Mengen und Preise. – elektr. Veröffentlichung: URL: http://www.bv-agrar.de/bvagrar/agrarwelt/daten/ernte_getreide_2010.pdf
- CARTEA, M.E. RODRIGUEZ V.M., DE HARO, A., VELASCO, P. & ORDÁS A. (2008): Variation of glucosinolates and nutritional value in nabicol (*Brassica napus* pabularia group). – *Euphytica* **159**: 111 – 112.
- DICE L.R. (1945): Measures of the amount of ecological association between species. – *Ecology* **26**: 297 – 302.

- DIEDERICHSEN, E. (1992): Kombination verschiedener Resistenzen gegenüber *Plasmidiophora brassicae* Wor. in resynthetisierten Formen von amphidiploiden *Brassica*-Arten. – Dissertation an der Freien Universität Berlin: 172 S.
- DUHOON, S.S. & KOPAR M.N. (1998): Distribution, collection and conservation of biodiversity in cruciferous oilseeds in India. - Genetic Resources and Crop Evolution **45**: 317–323.
- ECKE, W., UZUNOVA, M., & WEIßLEDER, K. (1995): Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L.). II. Localization of genes controlling erucic acid synthesis and seed oil content. - Theor. Appl. Genet. **91**: 972 – 977.
- ECKE, W., CLEMENS, R. HONSDORF, N. & BECKER H.C. (2010): Extent and structure of linkage disequilibrium in canola quality winter rapeseed (*Brassica napus* L.). – Theor. Appl. Genet. **120**: 921 – 931.
- EICKERMANN, M. (2009): Effect of *Brassica* genotype on the infestation by cabbage stem weevil *Ceutorhynchus pallidactylus* (Mrsh.) (Col.: Curculionidae) and the parasitism of stem weevil larvae. – Dissertation an der Georg-August-Universität Göttingen: 67 S. – elektr. Veröffentlichung:
URL: <http://webdoc.sub.gwdg.de/diss/2010/eickermann/eickermann.pdf>
- ENGQVIST, G.M. & BECKER H.C. (1994): What can resynthesized *Brassica napus* offer to plant breeding? Sveriges Utsädesförenings Tidskrift 104: 87 – 92.
- FAO (2010): Food Outlook, November 2010: 117 S. – elektr. Veröffentlichung:
URL: <http://www.fao.org/giews/>
- FELSENSTEIN, J. (1985): Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. – Evolution: international journal of organic evolution **39**: 783 – 791.
- FRIEDT, W. & LÜHS, W. (1994): Resynthese von neuen Rapsformen. – Vorträge für Pflanzenzüchtung **30**: 98 – 115.
- GIRKE, A. (2002): Neue Genpools aus resynthetisiertem Raps (*Brassica napus* L.) für die Hybridzüchtung. – Dissertation an der Georg-August-Universität Göttingen: 99 S. – elektr. Veröffentlichung:
URL: <http://webdoc.sub.gwdg.de/diss/2002/girke/girke.pdf>.
- GLADIS, T. & HAMMER, K. (1990): Die Gaterslebener Brassica-Kollektion – eine Übersicht. – Kulturpflanzen 38, 121 – 156.
- GLADIS, T. & HAMMER, K. (2003): Die Brassica-oleracea-Gruppe. – Lennestadt, Selbstverlag des Vereins zur Erhaltung der Nutzpflanzenvielfalt.
- GLAND, A. (1982) Gehalt und Muster der Glucosinolate in Samen von resynthetisierten Rapsformen. – Z. Pflanzenzüchtg. **88**: 242 – 254.

- HAMPL, V., PAVLÍČEK A. & FLEGR J. (2001): Construction and bootstrap analysis of DNA fingerprinting-based phylogenetic trees with a freeware program FreeTree: Application to trichomonad parasites. – *Int. J. of Systematic and Evolutionary Microbiology* **51**: 731 – 735.
- HANELT, P. (2001): *Mansfeld's Encyclopedia of Agricultural and Horticultural Crops*. – Band 3, Springer Verlag Heidelberg.
- HAPPSTADIUS, I., LJUNGBERG, A., KRISTIANSSON, B. & DIXELIUS, C. (2003): Identification of *Brassica oleracea* germplasm with improved resistance to *Verticillium wilt*. – *Plant Breeding* **122**: 30 - 34
- HASAN, M., SEYIS, F., BADANI A.G., PONS-KÜHNEMANN, J., FRIEDT, W., LÜHS, W. & SNOWDON, R.J. (2006): Analysis of genetic diversity in the *Brassica napus* L. gene pool using SSR markers. – *Genetic Resources and Crop Evolution* **53**: 793 – 802.
- HILLIS, D.M. & BULL, J.J. (1993): An Empirical Test of Bootstrapping as a Method for Assessing Confidence. – *Systematic Biologists* **42 (2)**: 182 – 92.
- HOFFMANN, W. & PETERS, R. (1958): Versuche zur Herstellung synthetischer und semisynthetischer Rapsformen. – *Züchter* **28**: 40 – 51.
- HOM, N.H. (2004): Pollen Genotype Effects on Seed Quality and Selection of Single Seeds by Near-Infrared Reflectance Spectroscopy (NIRS) in Winter Oilseed Rape. – Dissertation an der Universität Göttingen -elektr. Veröffentlichung: URL: <http://webdoc.sub.gwdg.de/diss/2004/hom/hom.pdf>
- HU, S., YU, C., ZHAO, H., SUN, G., ZHAO, S., VYVADILOVA, M. & KUCERA, V. (2007): Genetic diversity in *Brassica napus* L. Germplasm from China and Europe assessed by some agronomically important characters. – *Euphytica* **154**: 9 – 16.
- INOMATA, N. (1993): Crossability and cytology of hybrid progenies in the cross between *Brassica campestris* and three wild relatives of *B. oleracea*, *B. bourgeauii*, *B. cretica* and *B. montana*. - *Euphytica* **69**: 7 – 17.
- INOMATA, N. (2002): A cytogenetic study of the progenies of hybrids between *Brassica napus* and *Brassica oleracea*, *Brassica bourgeauii*, *Brassica cretica* and *Brassica montana*. - *Plant Breeding* **121**: 174–176.
- JACCARD, P. (1908): Nouvelles recherches sur la distribution florale.- *Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat.* **44**: 223 - 270.
- KNAACK C. (1995): Schätzung genetischer Distanzen mittels RFLP zur Identifizierung von Genpools für die Hybridzüchtung bei Winterraps. Dissertation an der Universität Göttingen, Cuvillier Verlag: 130 S.
- LANNÉR, C., BRYNGELSSON, T. & GUSTAFFSON, M. (1997) Relationship of wild *Brassica* species with chromosome number $2n = 18$, based on RFLP studies. – *Genome* **40**: 302 – 308.

- LÁZARO, A. & AGUINAGALDE, I. (1998): Genetic diversity in *Brassica oleracea* L. (Crucifera) and Wild Relatives ($2n = 18$) using Isozymes. – *Annals of Botany* **82**: 821 – 828.
- LINK, W., DIXKENS, C., SINGH, M., SCHWALL, M. & MELCHINGER, A.E. (1995): Genetic diversity in European and Mediterranean faba bean germ plasm revealed by RAPD markers. – *Theor. Appl. Genet.* **90**: 27 – 32.
- LOMBARD, V., BARIL, C.P., DUBREUIL, P., BLOUET, F. & ZHANG, D. (2000): Genetic Relationships and Fingerprinting of Rapeseed Cultivars by AFLP: Consequences for Varietal Registration. – *Crop Science* **40**: 1417 – 1425.
- LÜHS, W. & FRIEDT, W. (1994): Stand und Perspektiven der Züchtung von Raps (*Brassica napus* L.) mit einem maximalen Erucasäuregehalt im Öl für industrielle Nutzungszwecke. *Fat. Sci. Technol.* **96**: 137 - 146
- MORINAGA (1934): Interspecific hybridisation in Brassica. VI. The cytology of F_1 hybrids between *B. juncea* and *B. nigra*. – *Cytologia* **6**, 62 – 67.
- MCGRATH, J.M. & QUIROS, C.F. (1992): Genetic diversity at isozyme and RFLP loci in *Brassica campestris* as related to crop type and geographical origin. – *Theor. Appl. Genet.* **83**: 783 – 790.
- MCFERSON, J.R., LAMBOY, W.F. & KRESOVICH (1996): Assessing user perceptions of genetic resource collection in crucifer crops. – *Crop Science* **36**: 831 – 838.
- MEI, J., LI, Q., YANG, X., QIAN, L., LIU, L., YIN, J., FRAUEN, M., LI, J., & QIAN, W. (2010): Genomic relationship between wild and cultivated *Brassica oleracea* L. with emphasis on the origination of cultivated crops. – *Gent. Resour. Crop. Evol.* **57**: 687 – 692.
- METZGER, J. (1833): Systematische Beschreibung der kultivierten Kohlarten. – Heidelberg.
- MITHEN, R.F. (1992): Leaf glucosinolate profiles and their relationship to pest and disease resistance in oilseed rape. – *Euphytica* **63**: 71 – 83.
- MITHEN, R.F., LEWIS, B.G., HEANEY, R.K. & FENWICK, G.R. (1987): Glucosinolates of wild and cultivated Brassica species. – *Phytochemistry* **26** (7): 1969 – 1973.
- MITHEN, R.F. & MAGRATH, R. (1992): Glucosinolates and resistance to *Leptosphaeria maculans* in wild and cultivated Brassica species. – *Plant Breeding* **108**: 60 – 68.
- PAGE, R.D.M. (1996): TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. - *Computer Applications in the Biosciences* **12**: 357 – 358.
- PAULMANN, W. & FRAUEN, M. (1998): Erfahrungsbericht zur Entwicklung und Saatguterzeugung von restaurierten Winterraps-Hybridsorten. – Bericht über die 48. Tagung d. Arbeitsgem. d. Saatzuchtleiter. BAL Gumpenstein, 25 – 27. Nov. 1997.

- OLSSON, G. (1960): Species crosses within the genus *Brassica*. II. Artificial *Brassica napus* L.. – *Hereditas* **45**: 351 – 386.
- OLSSON, G. (1983): Allopolyploids in *Brassica*. – in: Svalöf 1886 – 1986. Research and Results in Plant Breeding. LTs förlag, Stockholm: 114 – 119.
- PLIESKE, J. & STRUSS, D. (2001): Microsatellite markers for genome analysis in *Brassica*. I. development in *Brassica napus* and abundance in *Brassicaceae* species. – *Theor. Appl. Genet.* **102**: 689 – 694.
- REINHARD, TC (1992): Entwicklung und Anwendung von Nah-infrarot-spektroskopischen Methoden für die Bestimmung von Öl-, Protein-, Glucosinolat-, Feuchte und Fettsäuregehalt in intakter Rapsaat. – Dissertation an der Georg-August-Universität Göttingen: 129 + IV S.
- RENARD, M., DELOURME, R., VALLÉE & PIERRE, J. (1997): Hybrid rapeseed breeding and production. – *Acta Horticulturae* **459**: 583 – 591.
- RÖBBELEN, G. & RAKOW, G. (1979): Eiweißsaat Raps: Züchterische Erfolge und Möglichkeiten. – *Fette, Seifen; Anstrichmittel* **81** (5): 197 – 200.
- ROHLF, F. J. (2000): NTSYS-pc Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.1. - Setauket, New York: Exeter Publishing Co, Ltd.
- ROSA, E.A.S., HEANEY, R.K., FENWICK, G.R. & PORTAS C.A.M. (1997): Glucosinolates in crop plants. - *Horticultural Reviews* **19**: 99 – 215.
- RUCKER, B. & RUDLOFF, E. (1992): Investigations on inheritance of the glucosinolate content in seeds of oilseed rape (*Brassica napus*). – Proceedings of the Eighth International Rapeseed Congress: 191 – 196.
- RUDORF, W. (1951): Über die Erzeugung und die Eigenschaften synthetischer Rapsformen. – *Z. Pflanzenzüchtg.* **29**: 35 – 54.
- RUDORF, W. (1958): Experimentelle aus ihren Ursprungsarten hergestellte Rapsformen im Vergleich mit natürlichem Raps. – *Fette, Seifen, Anstrichmittel* **60**: 635 – 673.
- RYGULLA, W., SNOWDON, R.J., EYNCK, C., KOOPMANN, B., VON TIEDEMANN, A., LÜHS, W. & FRIEDT, W. (2007a): Broadening the Genetic Basis of *Verticillium longisporum* Resistance in *Brassica napus* by Interspecific Hybridization. – *Phytopathology* **97** (11): 1391 – 1396.
- RYGULLA, W., SNOWDON, R.J., EYNCK, C., KOOPMANN, B., VON TIEDEMANN, A., LÜHS, W. & FRIEDT, W. (2007b): Combination of resistance to *Verticillium longisporum* from zero erucic acid *Brassica oleracea* and oilseed *Brassica rapa* genotypes in resynthesized rapeseed (*Brassica napus*) lines. – *Plant Breeding* **126**: 596 – 602.

- RYGULLA, W., SNOWDON, R.J., FRIEDT, W., HAPPSTADIUS, I., CHEUNG, W.Y. & CHEN, D. (2008): Identification of Quantitative Trait Loci for Resistance Against *Verticillium longisporum* in Oilseed Rape (*Brassica napus*). – *Phytopathology* **98** (2): 215 – 221.
- SCHOPFER, P. & BRENNICKE, A. (2010): Pflanzenphysiologie. – 7. Auflage, Spektrum Akademischer Verlag Heidelberg: 702 S.
- SERNYK, J.L. (1999): Catalogue of oilseed rape cultivars: 1999 edition.
- SEYIS, F., SNOWDON, R.J., LÜHS, W. & FRIEDT, W. (2003): Molecular characterization of novel resynthesized rapeseed (*Brassica napus*) lines and analysis of their genetic diversity in comparison with spring rapeseed cultivars. – *Plant Breeding* **122**: 473 – 478.
- SEYIS, F., FRIEDT, W. & LÜHS, W. (2001): Resynthese-Raps (*Brassica napus* L.) als genetische Ressource für die Qualitäts- und Ertragszüchtung. – In: HAMMER, K. & GLADIS, T. (Hrsg.): Schriften zu Genetischen Ressourcen, Band **16**: 91 – 112.
- SEYIS, F., FRIEDT, W. & LÜHS, W. (2005): Yield of *Brassica napus* L. hybrids developed using resynthesized rapeseed material sown at different locations. – *Fiel Crop Research* **96**: 176 – 180.
- SNEATH, P. H. A. & SOKAL, R. R. (1973): Numerical taxonomy. The principles and practice of numerical classification. – Freeman, San Francisco: 573 S.
- SNOGERUP, S., GUSTAFSSON, M., & VON BOTHMER, R. (1990): Brassica sect. Brassica Brassicaceae) I. Taxonomy an variation. – *Wildenowia* **19**: 271 – 365.
- SONG, K. & OSBORN, T.C. (1992): Polyphentic origins of *Brassica napus*: new evidence based on organelle and nuclear RFLP analyses. – *Genome* **35**: 992 – 1001.
- SONG, K., OSBORN, T.C. & WILLIAMS, P.H. (1990): Brassica taxonomy based on nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs). 3. Genome relationships in *Brassica* and related genera and the origin of *B. oleracea* and *B. rapa* (syn. *campestris*). – *Theor. Appl. Genet.* **79**: 497-506.
- STEPHANI, V. (1985): Selektion auf Gehalt und Zusammensetzung der Glucosinolate in der Grünmasse von Raps (*Brassica napus* L.). – Dissertation an der Georg-August-Universität Göttingen: 109 S.
- U, N. (1935): Genome analysis in *Brassica* with special reference to the experimental formation of *B. napus* and peculiar mode of fertilization. - *Japanese Journal of Botany* **7**: 389 – 452.
- UTZ, H.F. (2007): PLABSTAT (Version 2N): a computer program for the computation of variances and covariances. – Institut of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, Universität Hohenheim, Stuttgart

- VELASCO, L. & BECKER, H.C. (2000): Variability for seed glucosinolates in a germplasm collection of the genus *Brassica*. - Genetic Resources and Crop Evolution **47**: 231 – 238.
- VELASCO, L., GOFFMAN, F.D. & BECKER, H.C. (1998): Variability for the fatty acid composition of the seed oil in a germplasm collection of the genus *Brassica*. – Genetic Resources and Crop Evolution **45**: 371 – 382.
- VOS, P., HOGERS, R., BLEEKER, M., REIJANS, M., VAN DE LEE, T., HORNES, M., FRITERS, A., POT, J., PALEMAN, J., KUIPER, M. & ZABEAU, M. (1995): AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. - Nucleic Acid Research **23**: 4407 – 4414.
- VOSS, A., FRIEDT, W., MARJANOVIC-JEROMELA, A. & LÜHS, W. (1998): Molecular genotyping of rapeseed including resynthesized *Brassica napus* lines. – Cruciferae Newsletter **20**: 27-28.
- YU, C., LEISOVÁ, L., KUCERA, V., VYVYDILOVÁ, M., OVESNÁ, J., DOTLACIL, L. & HU, S. (2007): Assessment of Genetic Diversity of Yellow-seeded Rapeseed (*Brassica napus* L.) Accessions by AFLP Markers. - Czech J. Genet. Plant Breeding **43** (3): 105 – 112.
- ZUM FELDE, T., BAUMERT, A., STRACK, D., BECKER, H.C. & MÖLLERS, C. (2007): Genetic variation for sinapate ester content in winter rapeseed (*Brassica napus* L.) and development of NIRS calibration equations. Plant Breeding **126**, 291 – 296.

Internetquellen:

- MENTING, F. & BAS, N. (2010): The ECPGR *Brassica* Database. – Centre for Genetic Resources. The Netherlands (CGN):
 URL: <http://documents.plant.wur.nl/cgn/pgr/brasedb/> (Abfrage: 28.04.2011).

7 Anhang

Tab. I: Adressen der Zuchtfirmen, Forschungsinstitute und Genbanken

Abkürzung	Adresse
AG Cda	Agriculture and Agri-Food Canada , 107 Science Place, Saskatoon, Saskatchewan, S7N 0X2, Kanada
Borries	W. von Borries-Eckendorf GmbH & Co.KG Hovedisser Straße 92, 33818 Leopoldshöhe, Deutschland
CAAS	Oil Crops Research Institute , Chinese Academy of Agricultural Science, No2 Xudong Second Road Wuhan, Hubei Province, P.R.China 430062
CGN	Centrum voor Genetische Bronnen Nederland (CGN) Postbus 9101, 6700 HB Wageningen, Niederlande
DA	Department of Agriculture , Agriculture House, Kildare St., Dublin 2, Irland
DSV	Deutsche Saatveredelung AG , Weissenburger Straße 5, 59557 Lippstadt Postfach 1407, 59524 Lippstadt, Deutschland
ESP	Banco de Germoplasma , Universidad Politécnica de Madrid. Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos., Madrid, Spanien
FUB	FU Berlin, Institut für Biologie , Angewandte Genetik, Albrecht-Thaer-Weg 6, 14195 Berlin
GAU	Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abt. Pflanzenzüchtung , Von-Siebold- Straße 8, 37075 Göttingen
GBR	Warwick Crop Centre , The University of Warwick, WellesbourneWarwick, CV35 9EF, United Kingdom
HAAS	Hunan Agricultural University Furong District, Changsha City, Hunan Province, P.R.China 410128
HAU	Huazhong Agricultural University , No1, Shizishan Street, Hongshan District, Wuhan, Hubei Province, P.R.China 430070
IHAR	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy Radzików, 05-870 Błonie, Polen
INRA	INRA (Institute national de la recherche agronomique) 147 rue de l'université, 75338 Paris Cedex 07, Frankreich
IPK	Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Abt. Genbank, Corrensstraße 3, 06466 Gatersleben, Deutschland
JAAS	Jiangsu Academy of Agricultural Sciences , 50 Zhongling Street, Nanjing 210014, P.R.China,
JLU	Justus-Liebig-Universität Gießen, IFZ, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung I , Heinrich-Buff-Ring 26, 35392 Gießen

**Tab. I: Adressen der Zuchtfirmen, Forschungsinstitute und Genbanken
(Fortsetzung)**

Abkürzung	Adresse
Joordens	Joordens Zaden B.V. Postbus 7823, 5995 ZG Kessel, Niederlande
KWS	KWS SAAT AG, Grimsehlstr. 31, Postfach 1463, 37555 Einbeck, Deutschland
Limagrain	Limagrain GmbH, Griewenkamp 2, 31234 Edemissen, Deutschland
Mansholt	DR. R.J. MANSHOLT'S VEREDELINGSBEDRIJF B.V. Westpolder 8 PB 2 9975 WJ Vierhuizen, Niederlande
NPZ	Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG, Hohenlieth, 24363 Holtsee, Deutschland
Petkus	siehe KWS
Raps GbR	Raps GbR Saatzucht Lundsgaard Streichmühler Straße 8a, 24977 Grundhof, Deutschland
Serasem	Serasem, 60 rue Léon Beauchamp - BP 45, 59933 La Chapelle d'Armentières cedex Frankreich
Svalöv (= SW Seed)	Lantmännen SW Seed AB, 268 81 Svalöv, Schweden
Syngenta	Syngenta Seeds GmbH, Zum Knipkenbach 20, 32107 Bad Salzuflen, Deutschland
U. of Man.	Department of Plant Science, University of Manitoba, 222 Agriculture Building, 66 Dafoe Road, Winnipeg, MB, Canada - R3T 2N2
VDLUFA	VDLUFA Qualitätssicherung, Am Versuchsfeld 13, 34128 Kassel
WIAS	Wanxian Institute of Agricultural Sciences of Sichuan Province, Wanxian, P.R.China 634006
ZAU	ZheJiang Academy of Agricultural Sciences, Shiqiao Rd, Hangzhou. Zhejiang, P.R. China 310021
ZNRio	nicht mehr existent, siehe IHAR

Markeranalysen

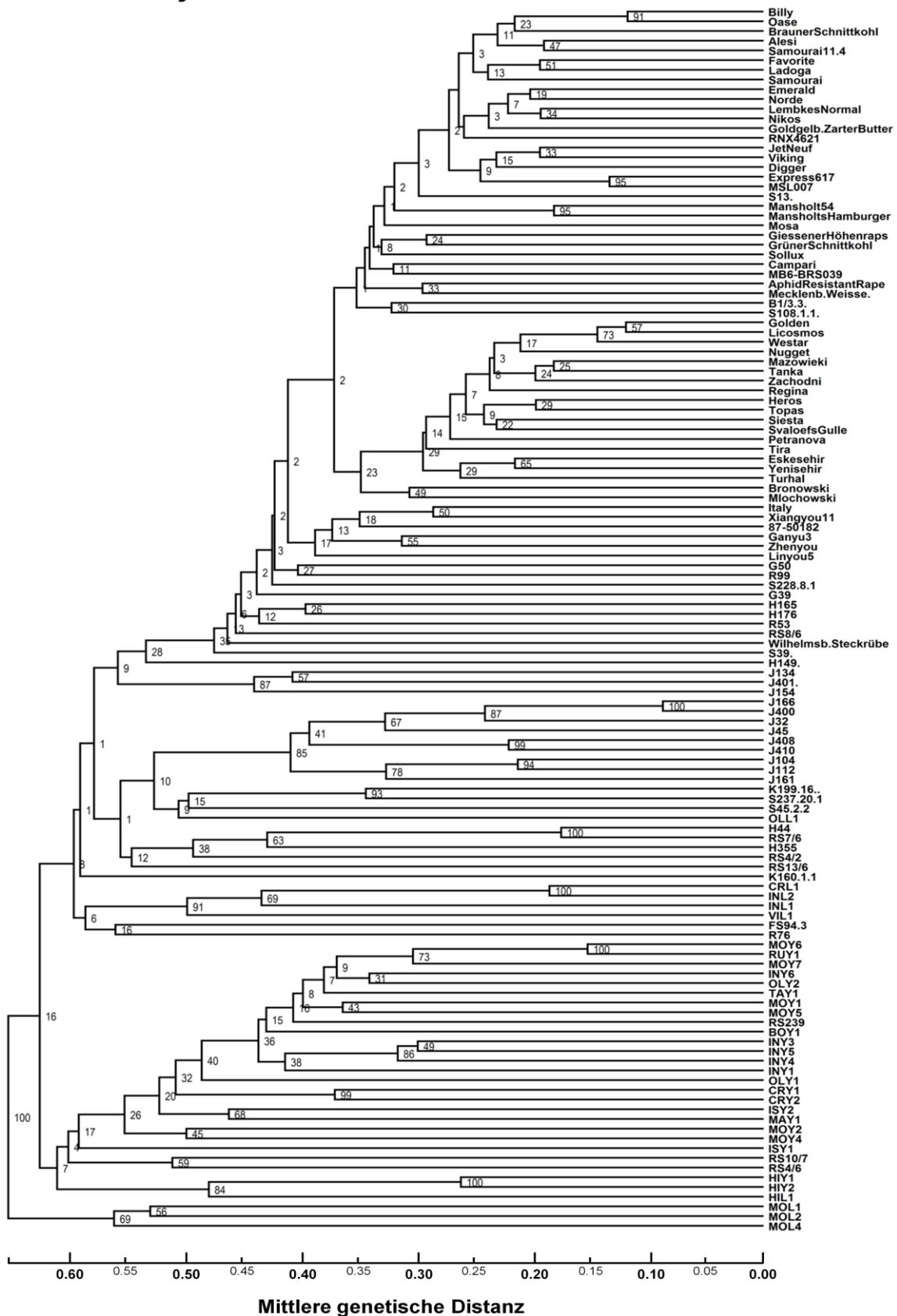


Abb. I: UPGMA Dendrogramm der Verwandtschaftsbeziehungen zwischen 55 Rapsorten und 71 Resynthesen mit Bootstrapwerten. Die Bootstrapwerte basieren auf einem Bootstrapping (FELSENSTEIN 1985) mit 10.000 Permutationen. Die Skala gibt die mittlere genetische Distanz nach Jaccard an.

Blattglucosinolatanalysen der Brassica-Wildarten

Tab. II: Ergebnisse der HPLC-Analyse: Blattglucosinolatgehalt und Blattglucosinolatmuster der Brassica-Wildarten

Genotyp	IBE [%]	PRO [%]	SIN [%]	RAA [%]	GNL [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL _{gesamt} [μmol/g]
BRA 2998 (<i>B. bourgeauii</i>)	1,3	15,1	0,0	24,1	0,0	1,7	2,6	0,0	41,3	10,1	0,3	3,8	11,7
5971 (<i>B. cretica</i>)	0,0	1,6	0,3	0,0	0,0	94,9	0,1	0,0	2,2	0,9	0,0	0,0	55,9
BRA 2997 (<i>B. cretica aegaea</i>)	0,0	1,2	0,0	9,8	0,0	85,7	0,1	0,4	1,8	0,8	0,0	0,0	71,0
6021 (<i>B. cretica aegaea</i>)	0,0	2,2	0,0	0,3	0,0	95,2	0,1	1,2	0,6	0,3	0,0	0,1	67,8
6344 (<i>B. cretica aegaea</i>)	0,1	2,6	29,0	0,0	0,0	64,3	0,1	0,1	1,4	1,0	0,0	1,4	53,4
6346 (<i>B. cretica aegaea</i>)	0,0	0,8	0,2	0,1	0,0	91,4	0,3	3,7	2,6	0,9	0,0	0,0	56,5
3821 (<i>B. villosa</i>)	34,2	0,0	0,4	0,1	0,4	0,4	62,8	0,0	1,2	0,7	0,0	0,0	22,3
BRA 1166 (<i>B. incana</i>)	3,1	25,3	16,6	0,2	0,0	3,1	0,6	0,0	47,7	3,2	0,0	0,2	28,7
BRA 1262 (<i>B. incana</i>)	51,7	0,7	21,0	1,3	0,0	1,9	0,5	0,0	21,7	1,1	0,0	0,1	19,6
5974 (<i>B. incana</i>)	55,4	2,4	13,2	12,3	0,0	0,7	0,2	0,0	15,2	0,7	0,0	0,0	36,6
6558 (<i>B. incana</i>)	0,0	1,4	0,2	21,4	0,0	57,3	14,5	0,0	4,7	0,5	0,0	0,0	63,3
6560 (<i>B. incana</i>)	4,0	3,0	6,5	18,8	0,0	43,9	11,1	0,0	11,6	1,2	0,0	0,0	21,0
6563 (<i>B. incana</i>)	0,0	1,6	0,0	58,0	1,0	12,3	3,1	0,0	22,9	1,1	0,0	0,0	22,5
6564 (<i>B. incana</i>)	0,0	1,7	0,0	32,7	0,0	40,6	10,3	0,0	12,5	2,3	0,0	0,0	26,3
6570 (<i>B. incana</i>)	0,3	2,0	0,2	0,4	0,2	61,1	15,4	0,0	18,0	1,1	0,0	1,3	17,4
6572 (<i>B. incana</i>)	1,7	2,0	0,2	0,1	0,2	71,6	18,0	0,0	5,7	0,4	0,1	0,0	47,5
HRIGRU 6691 (<i>B. incana</i>)	0,0	4,0	0,0	35,5	0,0	27,0	0,4	0,0	31,2	2,0	0,0	0,0	32,8
CGN 18470 (<i>B. incana</i>)	37,4	1,9	30,7	2,1	0,0	0,4	0,8	0,0	24,7	1,3	0,0	0,7	31,3
1952 (<i>B. insularis</i>)	0,3	0,2	97,1	0,0	0,0	0,3	0,1	0,0	0,1	0,3	0,0	1,7	56,5
BRA 2996 (<i>B. insularis</i>)	0,2	48,8	0,1	0,1	0,0	27,1	0,1	0,9	0,6	21,1	0,0	1,0	64,9
BRA 3050 (<i>B. insularis</i>)	0,0	7,4	0,2	0,0	0,0	90,4	0,1	0,0	0,3	1,7	0,0	0,0	41,8
BRA 3051 (<i>B. insularis</i>)	0,4	42,8	0,3	0,0	0,0	46,1	0,1	0,6	0,5	8,4	0,0	0,9	59,9
7346 (<i>B. insularis</i>)	0,3	57,2	0,4	0,0	0,0	25,4	0,2	0,8	0,5	12,2	0,0	2,9	83,5
7347 (<i>B. insularis</i>)	0,4	50,8	0,2	0,1	0,3	34,1	0,0	1,0	0,6	11,9	0,0	0,8	51,8

Tab. II: Ergebnisse der HPLC-Analyse: Blattglucosinolatgehalt und Blattglucosinolatmuster der Brassica-Wildarten (Fortsetzung)

Genotyp	IBE [%]	PRO [%]	SIN [%]	RAA [%]	GNL [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL _{gesamt} [µmol/g]
7356 (<i>B. insularis</i>)	0,2	66,8	0,0	0,0	0,0	29,7	0,2	1,1	0,5	1,4	0,0	0,0	111,7
3819 (<i>B. macrocarpa</i>)	5,6	0,0	72,3	0,0	0,0	0,7	20,3	0,0	0,8	0,4	0,0	0,0	66,8
BRA 1644 (<i>B. montana</i>)	28,3	4,5	17,6	2,7	0,0	0,2	1,4	0,0	30,3	12,8	0,0	2,4	16,0
BRA 2942 (<i>B. montana</i>)	0,2	1,9	0,0	25,8	0,0	52,4	0,2	0,0	16,9	2,4	0,0	0,2	25,3
BRA 2993 (<i>B. montana</i>)	0,0	2,3	0,0	3,1	0,0	76,7	1,2	0,0	9,7	5,8	0,0	1,6	10,1
BRA 3047 (<i>B. montana</i>)	0,0	2,7	0,3	0,1	0,0	82,0	0,5	0,1	12,9	0,7	0,0	0,7	35,3
6816 (<i>B. montana</i>)	0,0	1,1	0,2	0,1	0,1	96,4	0,1	1,3	0,6	0,3	0,0	0,0	117,5
CGN 18472 (<i>B. montana</i>)	0,0	8,9	0,3	0,2	0,0	76,3	1,2	0,0	8,6	2,2	0,0	2,2	20,2
6824 (<i>B. oleracea</i>)	0,0	16,3	0,3	11,4	0,0	1,1	0,3	0,0	66,8	3,5	0,0	0,3	36,8
7660 (<i>B. oleracea</i>)	0,0	0,6	39,6	0,0	0,0	52,3	0,4	0,0	4,7	1,3	0,0	1,2	39,3
7681 (<i>B. oleracea</i>)	3,5	39,2	9,8	13,3	0,0	5,0	1,1	0,0	27,2	0,7	0,0	0,3	34,4
7694 (<i>B. oleracea</i>)	0,5	34,0	28,7	1,0	0,0	5,2	0,3	0,0	28,8	1,2	0,0	0,3	31,9
6580 (<i>B. rupestris hispida</i>)	0,7	0,0	0,0	97,4	0,1	0,0	0,4	0,0	1,3	0,0	0,0	0,0	22,7
BRA 2947 (<i>B. taurica</i>)	27,1	1,2	10,7	13,9	0,0	0,0	1,5	0,0	39,6	5,5	0,0	0,7	10,8
6581 (<i>B. villosa bivoniana</i>)	0,7	0,0	0,0	97,0	0,0	0,0	0,3	0,0	1,2	0,8	0,0	0,0	31,0
HRIGRU 6848 (<i>B. villosa</i>)	0,0	3,6	0,0	0,0	0,0	73,7	0,3	13,9	7,3	1,2	0,0	0,0	22,3
LSD (p=0,05)	4,4	6,7	7,0	7,6	0,3	10,7	1,5	5,6	8,6	1,7	0,1	1,5	14,1
Mittelwert	6,4	11,5	9,9	12,1	0,1	38,2	4,3	0,6	13,2	3,1	0,0	0,6	41,9
Min.	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	10,1
Max.	55,4	66,8	97,1	97,4	1,0	96,4	62,8	13,9	66,8	21,1	0,3	3,8	117,5

Beobachtungsanbau der Resynthesen

Tab. III: Beobachtungsanbau der Resynthesen: Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über sechs Standorte

Genotyp	Brassica -sterol [mg/kg]	Campo -sterol [mg/kg]	Stigma -sterol [mg/kg]	Sito -sterol [mg/kg]	Avena -sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
B1/3.3	310,9	1141,6	11,4	1879,8	61,5	3573,4
FS94.3	308,4	982,5	12,0	1803,9	34,6	3294,5
G39	328,6	918,6	12,7	1839,1	28,1	3291,0
G50	297,4	1171,6	11,4	1905,6	58,8	3553,4
H149	306,9	955,2	11,6	1694,5	45,9	3193,3
H165	310,9	898,0	12,2	1772,7	24,0	3207,2
H176	296,8	1098,7	10,9	1751,2	50,3	3354,2
H355	233,6	998,8	10,9	1696,5	41,0	3164,7
H44	335,2	949,8	12,1	1760,4	40,5	3228,8
INL2	305,2	1144,4	11,1	1830,3	59,1	3507,6
INY1	286,9	963,7	11,8	1768,5	29,8	3279,8
J134	332,0	1035,4	11,3	1734,7	57,2	3306,8
K160.1.1	286,3	1177,4	11,1	1868,7	51,4	3552,4
K199.16.2	259,8	1022,4	10,7	1648,9	38,2	3144,7
OLL1	310,9	1097,7	11,2	1821,9	55,5	3444,5
R53	275,1	1013,3	10,9	1666,7	36,3	3162,6
R99	271,0	1144,3	10,7	1768,5	44,2	3381,5
RS10/7	298,4	992,3	12,0	1806,7	33,1	3292,2
RS7/6	286,4	1013,5	11,5	1766,2	55,9	3288,6
RS8/6	291,3	1124,1	11,1	1820,4	42,8	3418,2
S108.1.1	297,9	1158,3	11,1	1869,5	46,5	3551,9
S13	227,6	985,4	10,9	1685,5	39,6	3142,8
S228.8.1	287,4	1064,5	11,6	1810,6	46,0	3396,5
Tester Syngenta	325,8	1288,1	11,0	1998,3	64,2	3870,9
MSL 007	339,4	1382,1	10,4	1981,3	80,2	3984,3
Alesi	332,1	1329,0	10,7	1993,7	79,8	3936,8
Elektra	333,3	1411,1	10,4	2023,8	91,9	4067,7
Favorite	337,5	1328,6	10,5	1948,7	82,6	3894,9
Ladoga	332,8	1398,7	10,5	2049,5	98,5	4093,4
Lorenz	357,8	1419,0	10,6	2075,3	100,7	4164,4
Oase	328,6	1352,9	10,3	1948,6	88,5	3911,3
Trabant	346,6	1381,0	10,5	2005,3	88,2	4022,5
Visby	360,6	1403,8	10,8	2099,0	97,3	4178,1
LSD (p = 0,05)	20,4	87,03	0,38	74,28	12,05	181,2
Min.	227,63	897,95	10,66	1648,88	23,97	3142,81
Max.	335,16	1177,44	12,68	1905,64	61,45	3573,39
MW Resynthesen	293,24	1045,71	11,39	1781,34	44,35	3336,11
MW Standards	339,46	1369,43	10,58	2012,35	87,18	4012,42

^a Resynthesen, die nur am Standort Impington (GB) überlebt haben und daher nicht mit in die Gesamtauswertung eingeflossen sind

Tab. III: Beobachtungsanbau der Resynthesen: Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über sechs Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Brassica-sterol [mg/kg]	Campo-sterol [mg/kg]	Stigma-sterol [mg/kg]	Sito-sterol [mg/kg]	Avena-sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
BOY1 ^a	288,2	800,3	12,1	1628,5	27,7	2943,1
CRL1 ^a	310,6	977,0	12,7	1818,3	20,6	3316,9
CRY1 ^a	318,9	910,7	11,8	1703,1	38,5	3208,1
HIY1 ^a	281,5	909,5	11,9	1657,3	15,3	3067,5
INY3 ^a	335,8	903,8	12,9	1836,9	35,4	3389,8
INY4 ^a	313,7	826,4	12,4	1668,7	24,0	3053,3
INY5 ^a	214,2	1029,5	11,1	1713,9	18,1	3209,6
MOY4 ^a	230,0	990,1	11,4	1710,8	11,0	3177,0
MOY5 ^a	264,6	1039,0	11,6	1776,3	26,7	3350,3
OLY2 ^a	314,1	914,3	11,9	1720,6	13,1	3189,2
RUY1 ^a	289,9	922,1	12,1	1723,0	16,1	3207,2
S237.20.1 ^a	253,3	988,2	11,1	1676,3	9,3	3133,8
S39 ^a	310,9	1080,5	11,7	1858,3	39,7	3510,7
S45.2.2 ^a	342,5	1004,8	11,2	1709,2	59,8	3316,0

^a Resynthesen, die nur am Standort Impington (GB) überlebt haben und daher nicht mit in die Gesamtauswertung eingeflossen sind

Tab IV: Beobachtungsanbau der Resynthesen: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylver-bindungen, gemittelt über sechs Standorte

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
B1/3.3	2,2	6,9	6,9	1,2
FS94.3	1,6	7,8	6,6	0,8
G39	2,1	6,9	6,1	0,9
G50	2,8	6,7	7,9	1,6
H149	2,3	6,7	6,2	0,9
H165	1,4	7,7	5,8	0,4
H176	2,9	6,4	7,3	1,6
H355	2,6	7,2	7,1	1,1
H44	2,1	7,0	6,6	1,0
INL2	2,6	7,6	7,9	1,4
INY1	1,7	7,6	6,0	0,7
J134	2,7	6,5	6,9	1,3
K160.1.1	2,2	5,9	6,3	1,2
K199.16.2	3,0	6,7	7,4	1,4
OLL1	2,7	6,7	7,3	1,4
R53	2,8	6,7	7,3	1,3
R99	2,4	6,5	6,9	1,3

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester, ^c Resynthesen, die nur am Standort Impington (GB) überlebt haben und daher nicht mit in die Gesamtauswertung eingeflossen sind

Tab IV: Beobachtungsanbau der Resynthesen: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über sechs Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
RS10/7	2,8	7,3	6,9	1,0
RS7/6	1,6	7,9	6,9	0,9
RS8/6	2,8	7,7	8,0	1,3
S108.1.1	3,4	6,3	7,8	1,6
S13	2,4	7,5	7,1	1,0
S228.8.1	2,5	6,7	7,1	1,3
<hr/>				
Tester Syngenta	3,5	6,0	7,8	1,8
MSL 007	3,0	7,1	8,0	1,6
Alesi	3,4	5,8	7,4	1,8
Elektra	4,0	6,5	8,5	2,0
Favorite	3,7	5,3	7,6	2,0
Ladoga	4,3	5,9	8,3	2,0
Lorenz	3,8	6,1	8,1	2,0
Oase	3,7	6,6	8,5	1,9
Trabant	3,5	6,4	8,3	1,9
Visby	4,1	6,3	8,6	2,1
<hr/>				
LSD (p = 0,05)	0,46	0,53	0,62	0,24
Min.	1,40	5,93	5,79	0,36
Max.	3,43	7,93	8,01	1,62
MW Resynthesen	2,42	6,99	6,96	1,14
MW Standards	3,70	6,21	8,09	1,92
<hr/>				
BOY1 ^c	2,1	6,8	5,9	0,6
CRL1 ^c	1,8	7,6	6,4	0,9
CRY1 ^c	1,4	7,0	4,9	0,7
HIY1 ^c	0,5	8,2	5,2	0,2
INY3 ^c	1,1	4,7	2,8	0,1
INY4 ^c	0,7	7,9	4,8	0,3
INY5 ^c	1,5	8,0	6,4	0,5
MOY4 ^c	1,0	8,0	6,4	0,7
MOY5 ^c	2,0	6,5	5,3	0,5
OLY2 ^c	3,2	5,9	5,5	0,7
RUY1 ^c	1,4	6,2	4,3	0,4
S237.20.1 ^c	2,3	5,9	5,6	0,8
S39 ^c	3,3	6,1	6,4	0,8
S45.2.2 ^c	1,8	9,0	7,4	1,1

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester, ^c Resynthesen, die nur am Standort Impington (GB) überlebt haben und daher nicht mit in die Gesamtauswertung eingeflossen sind

Tab. V: Ergebnisse der ANOVA für den Beobachtungsanbau der Resynthesen am Standort Impington (GB), gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

	Varianzursache ^a	Genotyp	Wdh.	GxW	h ²
	TKG	2,27**	0,00	0,36	0,93
	ÖL	8,17**	0,02	1,53	0,96
	C18:3	0,53**	0,02*	0,25	0,81
	C22:1	129,09**	0,16	1,38	0,92
	Protein	5,01**	-0,01	0,55	0,95
	Glucosinolate	844,63**	1,41 ⁺	33,98	0,98
Phytosterole	Brassicasterol	1328,24**	16,06 ⁺	356,71	0,88
	Campostero	6747,47**	155,70 ⁺	620,42	0,96
	Stigmasterol	0,53**	0,00	0,13	0,89
	Sitosterol	18115,81**	51,41	1536,40	0,96
	Avenasterol	580,09**	-0,54	66,51	0,96
	Phytosterol gesamt	123670,78**	1052,07**	6014,81	0,98
Sinapoyl	Sinapoylglucose	0,87**	0,00**	0,24	0,88
	Sinapin	0,81**	0,10**	0,27	0,86
	andere SE ^c	0,23**	0,01**	0,04	0,91
	Sinapinsäure gesamt	1,22**	0,09**	0,40	0,86

⁺ , * , ** signifikant bei p = 0,1, p = ,05 bzw. bei p = 0,01, ^aWdh. = Wiederholung, GxW = Interaktion zwischen Genotyp und Wiederholung, h² = Heritabilität; ^b Fehler geschätzt aus 4 Orten mit je 2 Wiederholungen; ^c SE = Sinapinsäureester

Tab. VI: Gesamtglucosinolatgehalt und Glucosinolatmuster der Resynthesen vom Standort Impington (GB)

Genotyp	PRO [%]	SIN [%]	GNL [%]	RAA [%]	RAE [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL gesamt [µmol/g]
B1/3.3	53,2	1,2	6,7	0,0	0,0	19,3	14,5	1,4	1,7	1,6	0,2	0,1	57,2
BOY1	67,8	8,6	0,0	0,0	0,0	15,9	3,8	3,4	0,3	0,2	0,0	0,0	182,0
CRL1	3,0	0,0	0,2	0,2	4,8	67,1	3,6	18,3	0,2	2,5	0,0	0,0	97,0
CRY1	3,1	0,1	0,1	0,0	0,0	92,3	4,0	0,1	0,1	0,2	0,0	0,0	137,6
FS94.3	50,6	0,5	4,4	2,1	2,9	22,5	6,8	7,8	0,3	1,9	0,2	0,0	87,9
G39	53,0	0,1	24,2	2,4	0,2	12,2	4,7	2,3	0,2	0,6	0,1	0,0	113,5
G50	35,0	0,1	7,1	6,5	9,8	11,3	11,3	14,4	0,9	3,4	0,1	0,1	55,0
H149	67,0	2,3	0,0	3,0	1,8	14,3	5,1	4,3	0,1	1,8	0,2	0,0	72,7
H165	71,1	0,9	0,1	1,5	4,6	14,7	2,8	3,1	0,1	1,1	0,1	0,0	100,5
H176	56,6	0,4	0,0	1,8	1,4	21,9	11,5	4,1	0,7	1,2	0,3	0,0	53,4
H355	59,6	0,4	0,1	3,1	2,0	22,1	1,8	8,0	0,1	2,8	0,1	0,0	99,2
H44	35,6	0,0	4,7	1,8	7,4	31,0	7,4	8,5	0,6	3,0	0,1	0,0	55,3
HIY1	2,7	0,0	0,0	0,2	0,1	94,4	2,4	0,1	0,1	0,1	0,0	0,0	144,1
INL2	38,8	0,2	0,2	0,5	2,6	42,9	6,7	6,4	0,2	1,2	0,1	0,0	69,6
INY1	2,2	0,0	0,9	1,0	0,0	93,0	2,5	0,0	0,0	0,4	0,0	0,0	69,0
INY3	1,5	0,0	0,2	0,0	0,0	96,3	1,4	0,4	0,0	0,1	0,0	0,0	139,4
INY4	10,0	0,0	5,2	0,3	0,2	82,0	1,6	0,6	0,0	0,1	0,0	0,0	135,0
INY5	7,3	0,1	0,1	0,2	0,5	87,2	3,2	0,9	0,1	0,3	0,0	0,0	140,2
J134	39,0	0,1	5,7	1,6	5,1	27,4	8,7	9,2	0,5	2,5	0,1	0,1	54,9
K160.1.1	22,1	1,2	5,3	0,4	2,1	53,1	9,6	3,5	0,6	1,8	0,2	0,0	69,6
K199.16.2	43,6	0,0	11,4	0,4	7,1	14,7	12,6	5,2	1,4	3,3	0,2	0,1	61,9
MOY4	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0	94,9	3,3	0,3	0,1	0,2	0,0	0,0	137,4
MOY5	1,0	0,0	0,0	0,0	0,1	94,2	4,5	0,2	0,1	0,2	0,0	0,0	100,6
OLL1	40,0	1,0	7,1	1,9	10,2	18,6	9,4	7,9	1,0	2,8	0,2	0,1	79,3
OLY2	7,6	38,6	37,2	0,0	0,0	10,4	5,8	0,0	0,1	0,3	0,0	0,0	43,9
R53	47,3	0,0	11,7	2,8	4,1	13,1	12,3	4,3	0,9	3,1	0,2	0,1	63,9

Tab. VI: Gesamtglucosinolatgehalt und Glucosinolatmuster der Resynthesen vom Standort Impington (GB) (Fortsetzung)

Genotyp	PRO [%]	SIN [%]	GNL [%]	RAA [%]	RAE [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL gesamt [µmol/g]
R99	28,5	0,0	11,4	0,3	2,0	40,8	12,3	1,5	0,9	2,0	0,2	0,1	60,8
RS10/7	50,2	0,0	24,5	1,6	0,6	13,3	6,5	2,1	0,1	0,9	0,1	0,0	114,2
RS7/6	59,8	0,1	8,0	1,0	0,3	21,1	6,7	1,4	0,3	1,1	0,2	0,0	103,2
RS8/6	60,3	1,4	4,5	1,2	2,1	19,4	6,4	3,3	0,1	1,0	0,2	0,0	75,0
RUY1	3,9	0,3	0,3	0,0	0,0	92,9	2,2	0,2	0,0	0,2	0,0	0,0	130,8
S108.1.1	61,1	0,0	7,4	1,0	0,1	18,9	7,4	2,0	0,7	1,1	0,2	0,1	70,9
S13	58,5	0,5	0,1	2,8	2,2	22,5	2,1	8,2	0,1	2,9	0,1	0,1	90,9
S228.8.1	64,1	2,3	0,5	1,1	1,6	18,3	8,8	1,9	0,3	0,8	0,3	0,1	74,8
S237.20.1	4,1	0,0	7,5	0,0	0,8	80,1	2,3	4,2	0,1	0,9	0,0	0,0	88,9
S39	53,9	0,3	21,2	2,2	1,1	11,6	5,0	3,6	0,2	0,7	0,2	0,1	111,0
S45.2.2	38,4	3,3	0,0	4,4	7,0	28,8	6,6	8,7	0,2	2,4	0,2	0,1	80,7
VIL1	4,7	0,0	0,2	0,0	0,0	91,9	2,1	0,8	0,1	0,2	0,0	0,0	129,7
Tester Syngenta	52,3	0,0	1,0	0,0	0,0	20,5	18,5	4,7	1,6	1,0	0,3	0,2	26,7
MSL007	45,5	0,6	0,1	0,0	0,0	19,6	26,6	4,4	0,8	1,9	0,4	0,1	21,4
Alesi	48,4	0,5	0,0	0,0	0,0	18,6	25,4	3,1	1,8	1,6	0,6	0,2	18,9
Elektra	50,2	1,5	0,3	0,0	0,0	21,5	20,0	3,8	0,5	1,6	0,4	0,2	22,8
Favorite	35,3	0,0	1,6	0,7	3,7	23,6	27,6	2,7	1,8	2,4	0,3	0,3	17,7
Ladoga	37,4	1,4	0,5	1,5	6,8	21,1	25,0	1,1	1,7	2,2	0,6	0,9	19,8
Lorenz	37,5	1,4	0,0	1,1	3,0	26,8	21,2	5,3	1,2	1,9	0,4	0,4	25,1
Oase	46,5	1,7	0,1	0,0	0,0	20,0	24,7	2,3	1,2	2,8	0,4	0,3	19,5
Trabant	46,9	0,3	0,4	1,3	1,9	19,6	21,4	4,7	1,0	1,9	0,3	0,4	24,6
Visby	51,7	0,3	0,0	0,9	1,0	15,7	23,8	3,0	1,3	1,0	0,4	1,1	18,8
LSD (p = 0.05)	12,0	2,5	7,1	1,5	1,7	17,2	3,2	2,2	0,7	0,6	0,1	0,2	15,8
Min.	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0	10,4	1,4	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	17,7
Max:	71,1	38,6	37,2	6,5	10,2	96,3	27,6	18,3	1,8	3,4	0,6	1,1	182,0
MW Resynthesen	34,4	1,7	5,7	1,2	2,2	42,8	6,0	4,0	0,4	1,3	0,1	0,0	93,4

Tab. VI: Gesamtglucosinolatgehalt und Glucosinolatmuster der Resynthesen vom Standort Impington (GB) (Fortsetzung)

Genotyp	PRO [%]	SIN [%]	GNL [%]	RAA [%]	RAE [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL gesamt [µmol/g]
LSD (p = 0.05)	12,0	2,5	7,1	1,5	1,7	17,2	3,2	2,2	0,7	0,6	0,1	0,2	15,8
Min.	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0	10,4	1,4	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	17,7
Max:	71,1	38,6	37,2	6,5	10,2	96,3	27,6	18,3	1,8	3,4	0,6	1,1	182,0
MW Resynthesen	34,4	1,7	5,7	1,2	2,2	42,8	6,0	4,0	0,4	1,3	0,1	0,0	93,4
MW Standards	45,2	0,8	0,4	0,6	1,6	20,7	23,4	3,5	1,3	1,8	0,4	0,4	21,5
INL1¹	3,4	0,0	0,0	0,2	3,2	68,3	1,0	21,1	0,0	2,6	0,0	0,2	80,9
J154¹	46,6	3,9	0,0	0,0	0,0	45,5	0,1	2,5	0,0	1,3	0,0	0,1	51,6
J401¹	24,2	4,9	0,1	0,0	0,3	57,0	0,0	9,6	0,2	3,9	0,0	0,0	40,6

¹Ergebnisse für diese Resynthesen stammen vom Standort Göttingen und wurden daher nicht zusammen mit den übrigen aufgeführten Resynthesen vom Standort Impington (UK) verrechnet.

Beobachtungsanbau der Testhybriden

Tab. VII: Beobachtungsanbau der Testhybriden: Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über vier Standorte

Genotyp	Brassica -sterol [mg/kg]	Campo -sterol [mg/kg]	Stigma -sterol [mg/kg]	Sito -sterol [mg/kg]	Avena -sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
MxB1/3.3	295,2	1246,5	10,6	1880,3	67,2	3663,1
MxBOY1	275,7	1108,6	10,8	1743,3	44,5	3365,5
MxCRY1	273,0	1118,3	11,2	1819,6	45,3	3446,2
MxFS94.3	332,5	1330,7	10,6	1970,9	79,5	3885,7
MxG39	307,3	1253,5	10,7	1886,4	64,9	3697,7
MxG50	311,1	1412,8	10,3	2003,1	77,5	3976,8
MxH149	294,3	1169,5	10,3	1742,7	69,4	3456,1
MxH165	311,5	1238,0	10,4	1836,1	65,6	3640,4
MxH176	324,2	1262,0	10,2	1828,3	77,3	3651,1
MxH355	276,5	1107,6	10,5	1718,5	53,8	3336,2
MxH44	322,9	1118,4	10,7	1751,9	66,5	3427,5
MxHIY1	262,4	1094,4	10,9	1743,9	41,4	3326,6
MxINL1	339,2	1221,6	11,0	1870,6	65,5	3663,5
MxINL2	319,4	1187,0	11,0	1837,6	61,0	3569,3
MxINY1	283,3	1063,1	11,2	1772,2	29,6	3351,5
MxINY4	305,9	1066,5	11,7	1822,1	40,5	3437,4
MxINY6	289,2	1240,1	11,0	1896,2	49,6	3661,7
MxJ104	282,9	1093,3	11,2	1773,0	44,7	3368,9
MxJ112	330,3	1303,1	10,6	1938,6	68,2	3840,6
MxJ134	341,4	1185,1	11,0	1840,2	70,8	3590,0
MxJ154	309,3	1179,7	10,9	1850,4	65,9	3579,5
MxJ161	298,2	1112,0	10,8	1759,1	58,1	3378,7
MxJ166	267,7	1203,1	10,8	1821,6	50,2	3458,8
MxJ32	309,1	1238,9	10,7	1873,8	59,7	3657,7
MxJ400	283,5	1143,9	11,2	1823,6	50,4	3497,8
MxJ401	342,1	1210,4	10,8	1847,8	70,0	3643,5
MxJ408	299,8	1194,0	10,7	1826,0	58,9	3562,4
MxJ410	279,3	1138,8	10,8	1762,4	47,3	3407,6
MxJ45	275,5	1143,4	11,0	1798,3	50,0	3442,2
MxK199.16.2	297,2	1134,6	10,6	1744,6	59,5	3389,6
MxMOL1	275,5	1260,9	10,5	1876,3	52,3	3634,6
MxMOL2	312,9	1224,9	10,9	1905,6	60,9	3687,3
MxMOY2	306,3	1276,6	10,4	1877,7	63,9	3692,8
MxMOY4	302,4	1300,4	10,4	1916,1	74,7	3779,4
MxMOY5	297,0	1111,7	11,1	1795,7	44,3	3421,3
MxMOY6	288,3	1006,5	11,8	1789,7	13,4	3302,7
MxOLL1	332,6	1225,9	10,8	1862,5	63,6	3634,7
MxOLY2	309,7	1233,2	10,7	1874,1	61,0	3653,3
MxR53	288,5	1178,2	10,2	1731,4	60,8	3439,0
MxR99	321,1	1285,8	10,4	1893,4	70,8	3741,2
MxRS10/7	310,9	1140,2	10,8	1788,7	65,3	3496,9

Tab. VII: Beobachtungsanbau der Testhybriden: Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über vier Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Brassica -sterol [mg/kg]	Campo -sterol [mg/kg]	Stigma -sterol [mg/kg]	Sito -sterol [mg/kg]	Avena -sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
MxRS13/6	290,8	1148,3	10,5	1719,7	53,6	3327,9
MxRS4/2	293,4	1153,0	10,5	1752,0	53,8	3403,2
MxRS4/6	310,8	1167,2	10,6	1779,5	63,4	3481,0
MxRS7/6	320,2	1181,7	10,4	1790,3	76,9	3539,7
MxRS8/6	277,2	1165,9	10,2	1728,7	54,7	3380,2
MxRUY1	302,8	1143,2	11,1	1825,2	44,1	3539,4
MxS108.1.1	304,6	1247,5	10,6	1873,0	62,7	3669,9
MxS13	261,2	1164,2	10,2	1758,0	62,6	3444,0
MxS228.8.1	305,6	1214,9	10,6	1833,9	61,4	3605,6
MxS237.20.1	307,1	1155,7	10,8	1802,2	62,4	3488,0
MxS45.2.2	332,6	1211,5	10,7	1849,5	69,9	3648,1
MxVIL1	310,5	1254,7	10,7	1879,0	63,0	3681,4
RxB1/3.3	300,4	1285,5	10,6	1928,3	74,3	3776,4
RxBOY1	296,4	1170,4	10,7	1792,4	56,5	3514,2
RxG39	319,4	1294,5	10,8	1949,8	72,5	3827,1
RxG50	312,6	1413,9	10,3	2019,8	84,5	4016,5
RxH149	303,7	1151,1	10,5	1769,9	72,6	3495,5
RxH165	316,0	1214,2	10,8	1879,3	63,5	3658,0
RxH176	319,0	1226,5	10,8	1895,7	64,2	3686,8
RxH355	294,8	1149,0	10,7	1808,2	54,1	3474,9
RxH44	321,5	1154,4	10,7	1808,6	65,8	3518,2
RxINL1	335,1	1241,7	11,2	1931,3	65,6	3754,9
RxINL2	318,6	1232,2	10,9	1893,3	65,2	3667,9
RxINY1	309,3	1300,9	10,6	1939,2	72,6	3820,9
RxJ104	288,0	1268,4	11,0	1910,5	54,9	3728,3
RxJ112	289,4	1098,4	11,1	1790,2	51,9	3381,2
RxJ134	337,7	1217,0	10,9	1872,5	76,1	3656,8
RxJ154	314,6	1189,5	11,0	1873,3	62,4	3615,4
RxJ161	299,7	1111,4	11,1	1833,3	49,4	3393,6
RxJ166	285,4	1187,6	11,0	1855,3	45,3	3563,9
RxJ32	288,2	1144,1	11,2	1853,6	58,0	3512,6
RxJ400	336,3	1194,0	10,9	1856,4	68,6	3614,4
RxJ408	290,0	1149,8	11,0	1814,2	48,5	3481,2
RxJ410	290,6	1235,4	10,7	1880,4	61,7	3652,8
RxJ45	318,3	1346,7	10,7	1959,8	70,2	3945,0
RxK160.1.1	309,3	1269,6	10,6	1917,5	67,3	3743,9
RxMAY1	299,1	1277,0	10,8	1984,9	79,6	3850,4
RxMOL1	281,3	1302,1	10,7	1934,1	52,5	3748,9
RxMOL2	314,8	1255,9	11,0	1964,7	59,4	3789,4
RxMOY5	295,8	1280,4	10,4	1897,1	73,2	3740,0
RxOLL1	334,5	1214,3	10,9	1883,3	65,7	3643,4
RxR53	286,8	1148,7	10,4	1754,5	54,8	3419,1

Tab. VII: Beobachtungsanbau der Testhybriden: Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über vier Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Brassica -sterol [mg/kg]	Campo -sterol [mg/kg]	Stigma -sterol [mg/kg]	Sito -sterol [mg/kg]	Avena -sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
RxR76	320,8	1173,1	11,1	1873,1	61,5	3601,8
RxR99	306,8	1325,9	10,4	1946,3	76,6	3847,9
RxRS10/7	314,7	1224,1	10,8	1896,2	71,9	3709,9
RxRS13/6	290,9	1179,8	10,6	1806,1	53,2	3495,1
RxRS4/2	298,8	1256,8	10,6	1892,4	68,3	3685,5
RxRS7/6	310,5	1203,0	10,6	1843,5	68,9	3596,0
RxRS8/6	302,0	1322,2	10,6	1955,2	67,1	3826,6
RxS108.1.1	314,2	1257,0	10,8	1935,3	65,5	3762,5
RxS13	256,7	1208,8	10,3	1832,1	69,5	3571,9
RxS45.2.2	334,5	1228,7	10,9	1902,6	69,4	3700,7
RxVIL1	322,9	1322,5	10,7	1991,8	72,4	3894,5
MSL 007	338,3	1396,7	10,3	1991,9	80,3	3990,1
TesterSyngenta	323,0	1349,4	10,7	2022,1	72,6	3974,5
Visby	357,9	1435,9	10,7	2108,9	98,1	4219,3
LSD (p = 0,05)	18,4	67,8	0,3	61,3	11,5	149,7
Min.	256,7	1006,5	10,2	1718,5	13,4	3302,7
Max.	357,9	1435,9	11,8	2108,9	98,1	4219,3
MW Testhybriden	304,1	1206,4	10,7	1851,2	61,4	3600,5
MW Standards	339,7	1394,0	10,6	2041,0	83,7	4061,3

Tab. VIII: Beobachtungsanbau der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über vier Standorte

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
MxB1/3.3	2,4	7,6	7,6	1,3
MxBOY1	2,7	7,3	7,5	1,3
MxCRY1	1,6	8,7	7,2	1,1
MxFS94.3	3,2	6,9	7,9	1,6
MxG39	3,1	6,9	7,6	1,4
MxG50	3,5	7,4	8,6	1,8
MxH149	2,6	6,7	7,1	1,3
MxH165	3,0	7,3	7,9	1,5
MxH176	3,4	6,8	8,1	1,7
MxH355	2,5	8,2	8,0	1,4
MxH44	2,1	7,2	7,1	1,4
MxHIY1	1,7	8,1	7,0	0,9
MxINL1	3,2	7,1	7,9	1,7
MxINL2	2,5	7,5	7,7	1,4
MxINY1	2,2	7,6	6,3	0,7

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab. VIII: Beobachtungsanbau der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über vier Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
MxINY4	2,2	8,4	7,5	1,3
MxINY6	3,5	6,8	7,8	1,5
MxJ104	3,6	6,1	7,5	1,7
MxJ112	2,9	7,0	7,8	1,7
MxJ134	3,0	6,6	7,4	1,5
MxJ154	2,6	7,6	7,6	1,3
MxJ161	3,1	7,1	7,9	1,7
MxJ166	3,7	6,4	7,9	1,8
MxJ32	3,3	6,7	7,8	1,6
MxJ400	3,5	6,2	7,8	1,8
MxJ401	3,4	6,4	7,7	1,7
MxJ408	3,3	6,5	7,6	1,7
MxJ410	3,7	6,3	7,8	1,8
MxJ45	3,6	6,1	7,6	1,7
MxK199.16.2	2,7	7,7	7,7	1,3
MxMOL1	3,1	7,6	8,0	1,4
MxMOL2	2,3	7,5	7,2	1,1
MxMOY2	3,1	6,7	7,8	1,6
MxMOY4	3,4	6,6	7,8	1,6
MxMOY5	2,0	7,1	6,8	1,2
MxMOY6	1,9	7,8	6,5	0,7
MxOLL1	3,4	6,8	8,1	1,7
MxOLY2	3,6	7,0	7,3	1,4
MxR53	2,8	7,5	7,8	1,5
MxR99	2,8	6,9	7,7	1,6
MxRS10/7	2,0	7,6	7,4	1,4
MxRS13/6	2,5	6,9	7,2	1,3
MxRS4/2	2,7	7,9	7,7	1,4
MxRS4/6	2,3	7,1	7,1	1,2
MxRS7/6	2,5	7,0	7,3	1,5
MxRS8/6	3,0	7,1	7,9	1,5
MxRUY1	2,2	7,6	6,9	1,0
MxS108.1.1	3,4	6,6	7,9	1,7
MxS13	2,6	7,3	7,5	1,3
MxS228.8.1	3,0	6,9	7,7	1,6
MxS237.20.1	2,9	7,8	8,1	1,5
MxS45.2.2	2,8	8,2	8,1	1,4
MxVIL1	3,3	7,0	8,0	1,6
RxB1/3.3	3,3	6,9	7,9	1,6
RxBOY1	3,1	6,5	7,4	1,5
RxG39	4,2	6,4	8,6	2,0
RxG50	4,0	6,8	8,7	2,1

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab. VIII: Beobachtungsanbau der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über vier Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
RxH149	3,2	6,6	7,5	1,5
RxH165	3,5	6,2	7,5	1,5
RxH176	3,5	5,8	7,2	1,6
RxH355	3,3	7,3	8,3	1,6
RxH44	2,7	6,5	7,2	1,5
RxINL1	3,4	6,2	7,6	1,7
RxINL2	3,2	7,2	8,1	1,6
RxINY1	3,9	5,9	7,8	1,8
RxJ104	4,5	5,4	8,1	2,1
RxJ112	3,6	6,5	7,8	1,7
RxJ134	3,7	6,4	7,9	1,8
RxJ154	3,6	6,9	8,1	1,6
RxJ161	3,6	6,1	7,7	1,7
RxJ166	4,2	6,0	8,0	1,9
RxJ32	4,6	5,8	8,2	2,1
RxJ400	4,1	5,9	7,9	1,9
RxJ408	4,0	5,8	7,8	1,9
RxJ410	4,1	5,8	8,0	2,0
RxJ45	3,9	5,9	8,0	2,0
RxK160.1.1	3,7	6,6	8,2	1,8
RxMAY1	3,0	6,8	7,9	1,7
RxMOL1	3,9	6,6	8,3	1,8
RxMOL2	3,2	6,9	7,5	1,4
RxMOY5	4,0	6,9	8,6	1,8
RxOLL1	4,2	6,5	8,4	1,9
RxR53	3,6	6,5	7,9	1,7
RxR76	3,4	6,3	7,1	1,5
RxR99	3,6	6,1	7,8	1,8
RxRS10/7	3,3	6,7	7,7	1,6
RxRS13/6	3,0	6,8	7,6	1,5
RxRS4/2	3,7	6,5	7,8	1,6
RxRS7/6	3,2	6,3	7,5	1,6
RxRS8/6	4,0	6,7	8,6	1,8
RxS108.1.1	3,8	6,0	7,9	1,9
RxS13	3,5	6,5	7,6	1,6
RxS45.2.2	3,5	6,6	7,8	1,7
RxVIL1	3,8	6,1	7,9	1,9
MSL 007	3,2	6,8	7,8	1,6
TesterSyngenta	3,6	5,8	7,7	1,8
Visby	4,0	6,1	8,3	2,1

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab. VIII: Beobachtungsanbau der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über vier Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
LSD (p = 0,05)	0,5	0,5	0,5	0,2
Min.	1,6	5,4	6,3	0,7
Max.	4,6	8,7	8,7	2,1
MW Testhybriden	3,2	6,8	7,7	1,6
MW Standards	3,6	6,2	7,9	1,8

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab. IX: Beobachtungsanbau der Testhybriden: Agronomische Merkmale, gemittelt über sechs Standorte

Genotyp	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [µmol/g]	TKG [g]	Höhe [cm]	BoF	WF	Lager
MxB1/3.3	43,8	7,1	19,2	60,9	5,1	160,6	1,6	118,0	1,7
MxFS94.3	42,4	1,6	19,4	40,6	5,4	170,0	2,4	117,7	1,7
MxG39	41,7	8,1	20,5	58,0	4,9	166,6	4,3	119,6	3,3
MxG50	43,5	0,6	19,0	42,5	5,1	150,0	1,6	118,7	2,0
MxH149	44,4	19,8	19,0	52,3	5,0	157,5	2,3	113,2	2,0
MxH165	43,1	11,8	20,1	43,0	5,0	139,3	2,7	118,6	2,0
MxH176	45,7	13,7	18,0	28,0	5,4	152,5	1,6	117,8	1,7
MxH355	44,3	18,8	20,8	54,2	5,2	141,7	3,1	117,4	2,1
MxH44	45,3	19,4	19,2	38,4	5,4	143,8	1,4	113,2	1,7
MxHIY1	41,1	17,8	21,7	78,3	7,4	145,6	4,6	116,6	1,8
MxINL1	41,6	10,2	20,3	40,5	6,1	155,6	1,5	118,2	1,7
MxINL2	41,2	10,6	21,0	52,0	5,3	155,0	3,2	115,7	2,3
MxJ134	42,6	9,4	19,3	34,1	5,4	140,9	3,1	116,2	1,8
MxJ154	41,9	11,1	20,2	53,9	5,8	139,5	3,5	113,6	1,7
MxJ161	42,3	18,9	20,4	56,7	5,1	137,9	5,5	119,9	1,4
MxJ166	40,9	17,5	21,1	58,4	5,8	142,4	6,0	115,3	2,0
MxJ32	41,7	8,8	20,2	46,7	5,6	147,5	4,8	117,8	1,7
MxJ400	41,4	14,5	19,7	47,1	5,5	139,9	6,1	118,3	1,8
MxJ401	42,6	10,2	19,5	41,0	5,7	153,1	3,2	116,5	2,0
MxJ408	43,1	15,1	19,1	45,9	5,2	146,4	2,8	115,7	1,9
MxJ45	42,2	14,8	19,3	48,8	5,0	147,3	4,7	117,8	1,8
MxK199.16.2	43,6	18,4	20,4	55,4	5,2	152,5	3,2	119,0	2,0
MxMOL1	42,4	10,5	19,8	59,8	5,5	151,9	1,3	116,8	1,7
MxMOL2	41,0	7,7	21,0	63,2	5,8	166,9	0,4	118,3	1,3
MxMOY4	44,2	5,4	18,2	37,9	5,6	151,9	2,0	116,4	1,8
MxR53	45,0	19,4	19,7	39,9	5,3	151,1	2,5	117,2	1,7
MxR99	44,3	8,6	19,1	33,8	4,9	152,4	1,8	116,4	1,3
MxRS13/6	43,9	16,3	19,8	51,0	5,7	144,1	3,0	108,8	1,8
MxRS4/2	44,2	17,3	19,4	45,7	5,2	156,3	4,0	118,2	2,0
MxRS4/6	43,8	13,8	20,5	43,2	5,2	154,4	2,6	116,0	2,0
MxRS7/6	45,4	15,6	18,8	35,6	5,4	148,1	2,1	114,3	1,7

Tab. IX: Beobachtungsanbau der Testhybriden: Agronomische Merkmale, gemittelt über sechs Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Öl [%]	C22:1 [%]	Protein [%]	GSL [$\mu\text{mol/g}$]	TKG [g]	Höhe [cm]	BoF	WF	Lager
MxS108.1.1	42,7	6,2	19,5	41,2	5,4	147,4	2,6	112,3	1,7
MxS13	45,4	21,5	19,0	64,1	5,1	151,3	0,8	116,5	1,7
MxS228.8.1	43,3	10,8	19,8	48,3	5,1	153,4	3,0	116,9	1,8
MxS45.2.2	42,7	11,0	20,7	47,8	5,0	142,5	3,6	115,0	2,0
MxVIL1	42,2	7,6	19,9	45,0	6,0	151,9	2,0	117,5	1,7
RxB1/3.3	42,9	5,9	18,9	51,3	5,5	157,6	2,0	117,3	2,0
RxG50	44,0	0,9	17,5	38,0	5,0	152,5	1,5	118,7	1,3
RxH149	43,7	18,2	18,5	47,7	5,0	155,6	2,2	114,5	2,3
RxH165	42,5	11,2	19,6	37,0	4,6	142,5	3,3	118,7	2,3
RxH176	43,2	11,5	19,1	33,3	5,7	149,4	1,2	117,5	1,7
RxH355	42,0	13,8	20,2	47,5	5,4	149,4	3,0	117,8	2,0
RxH44	44,7	18,4	19,2	32,7	5,6	149,9	0,8	114,1	1,8
RxINL1	40,7	7,5	20,2	38,2	6,1	171,9	2,3	117,5	1,7
RxINL2	41,6	7,4	20,0	47,2	5,6	158,1	2,6	115,7	1,3
RxJ112	40,8	17,2	20,2	57,1	6,0	144,0	4,6	118,6	1,8
RxJ134	42,4	8,2	18,9	32,7	5,3	136,3	3,5	117,0	2,3
RxJ154	42,5	10,6	19,0	47,9	6,2	147,4	2,6	114,3	1,8
RxJ161	41,0	14,5	20,3	46,3	4,8	133,9	2,5	118,6	2,3
RxJ166	40,1	9,2	20,8	47,4	5,9	140,1	5,0	117,1	3,0
RxJ32	42,1	16,1	18,2	45,5	5,2	143,8	2,8	118,6	2,1
RxJ400	41,7	10,9	19,1	39,8	5,9	147,5	4,5	117,8	2,0
RxJ408	40,3	13,7	20,6	46,3	5,2	136,0	3,9	115,8	2,0
RxJ410	42,1	13,4	18,8	45,2	5,3	138,3	4,4	117,6	1,8
RxJ45	42,7	13,6	18,4	45,9	4,9	149,9	2,8	118,3	1,8
RxMOL1	41,6	4,1	19,8	47,5	5,4	162,1	2,0	117,6	1,1
RxOLL1	41,7	8,0	19,7	35,2	6,1	157,5	3,2	115,7	2,3
RxR53	43,5	19,4	19,9	40,9	5,4	152,5	2,0	118,0	1,3
RxR99	44,1	4,2	17,6	31,3	5,0	153,8	1,7	117,2	1,7
RxRS10/7	42,7	11,9	19,6	55,4	5,8	149,4	2,6	117,7	1,7
RxRS13/6	41,9	12,7	20,1	45,9	5,8	147,5	3,3	116,7	2,3
RxRS4/2	44,0	12,4	18,1	38,7	5,0	164,8	1,2	117,1	2,0
RxRS7/6	44,1	17,0	19,0	38,5	5,7	150,0	2,1	114,2	2,3
RxRS8/6	42,8	7,8	19,1	36,0	5,7	161,4	1,2	117,6	1,7
RxS108.1.1	42,5	4,8	19,0	42,2	5,5	144,4	1,6	110,7	2,3
RxS13	44,9	19,4	17,5	60,0	5,2	151,9	1,1	117,0	1,7
RxS45.2.2	42,3	8,0	19,9	39,4	5,0	141,6	1,8	117,3	1,8
MSL 007	44,6	0,0	18,8	22,8	5,3	143,1	1,1	118,3	1,7
Tester Syngenta	43,2	0,5	18,5	23,6	5,8	146,9	1,4	122,6	2,7
Visby	43,6	0,0	17,7	19,0	5,8	146,9	0,6	117,5	1,3
LSD (p = 0,05)	1,4	3,8	1,2	7,5	0,5	11,8	1,9	2,4	1,1
Min.	40,1	0,0	17,5	19,0	4,6	133,9	0,4	108,8	1,1
Max.	45,7	21,5	21,7	78,3	7,4	171,9	6,1	122,6	3,3
MW Testhybriden	42,8	12,0	19,5	45,8	5,4	150,0	2,7	116,7	1,9
MW Standards	43,8	0,2	18,3	21,8	5,6	145,6	1,0	119,5	1,9

Tab. X: Beobachtungsanbau der Testhybriden: Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über sechs Standorte

Genotyp	Brassica -sterol [mg/kg]	Campo -sterol [mg/kg]	Stigma -sterol [mg/kg]	Sito -sterol [mg/kg]	Avena -sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
MxB1/3.3	301,1	1248,7	10,5	1881,6	75,4	3669,7
MxFS94.3	340,0	1310,5	10,8	1981,8	78,6	3887,2
MxG39	322,3	1202,0	10,8	1881,6	63,6	3646,0
MxG50	316,3	1386,1	10,3	1983,3	79,7	3935,6
MxH149	299,3	1156,8	10,3	1736,5	71,4	3445,3
MxH165	322,8	1199,1	10,5	1836,4	64,1	3608,7
MxH176	319,5	1247,7	10,2	1815,9	78,9	3611,2
MxH355	281,6	1148,8	10,4	1753,1	64,1	3417,7
MxH44	323,4	1111,0	10,6	1750,0	73,4	3414,8
MxHIY1	275,0	1110,7	10,9	1766,5	49,5	3382,5
MxINL1	342,8	1212,6	11,0	1875,8	70,8	3674,3
MxINL2	325,0	1164,4	11,1	1844,2	63,8	3558,8
MxJ134	347,5	1159,0	11,0	1833,6	72,8	3561,0
MxJ154	316,5	1181,6	11,1	1873,3	66,0	3614,7
MxJ161	302,9	1071,5	11,0	1758,5	58,2	3341,6
MxJ166	277,4	1111,6	11,2	1794,0	43,1	3375,2
MxJ32	322,6	1221,7	10,9	1878,4	62,6	3664,5
MxJ400	295,2	1154,8	11,1	1840,6	58,7	3538,5
MxJ401	346,9	1172,4	10,9	1824,0	72,0	3577,3
MxJ408	304,7	1211,1	10,7	1846,5	64,9	3615,7
MxJ45	286,1	1163,0	11,0	1825,4	56,2	3509,2
MxK199.16.2	306,8	1134,8	10,6	1760,2	63,7	3419,1
MxMOL1	284,3	1254,8	10,5	1873,4	60,2	3633,3
MxMOL2	323,3	1222,2	10,8	1914,6	65,9	3702,4
MxMOY4	310,6	1294,5	10,4	1917,6	78,9	3787,1
MxR53	295,5	1166,0	10,2	1727,5	63,5	3424,3
MxR99	320,6	1256,3	10,5	1865,4	70,1	3679,7
MxRS13/6	293,8	1141,8	10,5	1730,6	57,3	3343,6
MxRS4/2	296,2	1158,8	10,4	1752,5	60,5	3408,4
MxRS4/6	317,7	1168,6	10,7	1799,3	64,8	3509,7
MxRS7/6	323,0	1169,6	10,4	1795,3	80,1	3530,8
MxS108.1.1	310,0	1245,8	10,6	1876,3	68,0	3673,8
MxS13	260,9	1157,9	10,2	1756,6	66,8	3431,9
MxS228.8.1	308,8	1211,6	10,6	1838,1	66,5	3607,4
MxS45.2.2	343,5	1192,9	10,8	1843,3	71,8	3638,9
MxVIL1	321,3	1238,8	10,8	1892,3	65,6	3691,4
RxB1/3.3	305,8	1251,4	10,7	1927,7	75,2	3732,2
RxG50	316,3	1389,5	10,3	2011,6	86,7	3982,4
RxH149	304,3	1130,2	10,6	1770,8	74,6	3460,1
RxH165	322,2	1175,9	10,9	1870,1	61,8	3604,0
RxH176	325,7	1207,2	10,9	1897,7	67,6	3662,7
RxH355	305,1	1170,4	10,8	1847,3	57,1	3552,5

Tab. X: Beobachtungsanbau der Testhybriden: Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über sechs Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Brassica -sterol [mg/kg]	Campo -sterol [mg/kg]	Stigma -sterol [mg/kg]	Sito -sterol [mg/kg]	Avena -sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
RxH44	325,8	1134,6	10,8	1804,2	70,6	3496,4
RxINL1	340,6	1209,3	11,3	1931,2	65,3	3727,3
RxINL2	324,5	1221,1	11,0	1899,3	69,6	3665,9
RxJ112	299,6	1076,4	11,2	1793,3	53,1	3366,8
RxJ134	342,2	1191,1	11,1	1891,3	74,0	3650,9
RxJ154	316,3	1175,1	10,9	1895,0	70,5	3684,9
RxJ161	311,0	1109,3	11,2	1854,3	52,3	3522,9
RxJ166	303,9	1189,4	11,2	1896,4	49,0	3626,1
RxJ32	295,4	1152,7	11,1	1860,1	68,1	3542,0
RxJ400	349,0	1169,1	11,0	1853,2	71,3	3600,1
RxJ408	299,8	1136,9	11,3	1846,5	48,0	3520,0
RxJ410	298,3	1213,0	10,9	1883,6	63,2	3639,9
RxJ45	320,5	1299,9	10,8	1949,2	72,6	3867,1
RxMOL1	293,7	1302,6	10,7	1945,9	59,9	3776,5
RxOLL1	342,3	1185,2	11,0	1868,0	68,7	3604,4
RxR53	292,2	1129,0	10,5	1750,9	55,7	3394,3
RxR99	313,5	1322,6	10,5	1961,4	79,6	3861,9
RxRS10/7	319,9	1199,6	10,8	1886,3	71,6	3670,5
RxRS13/6	307,9	1173,4	10,8	1841,3	55,9	3544,9
RxRS4/2	304,0	1247,1	10,5	1882,1	72,6	3663,6
RxRS7/6	316,8	1171,1	10,8	1840,3	71,5	3557,8
RxRS8/6	309,2	1289,5	10,7	1937,5	68,5	3766,5
RxS108.1.1	316,5	1269,7	10,7	1941,2	71,9	3789,5
RxS13	264,4	1185,5	10,4	1825,3	72,9	3536,5
RxS45.2.2	341,3	1199,0	11,0	1894,6	72,5	3669,2
MSL 007	340,6	1382,4	10,4	1981,0	83,6	3966,3
Tester_Syngenta	334,1	1329,2	10,9	2031,4	77,3	3962,4
Visby	360,6	1396,4	10,9	2083,6	94,9	4145,7
LSD (p = 0,05)	15,2	61,3	0,3	53,5	10,6	128,8
Min.	260,9	1071,5	10,2	1727,5	43,1	3341,6
Max.	360,6	1396,4	11,3	2083,6	94,9	4145,7
MW Testhybriden	312,1	1197,6	10,8	1853,5	66,6	3601,1
MW Standards	345,1	1369,3	10,7	2032,0	85,3	4024,8

Tab. XI: Beobachtungsanbau der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über sechs Standorte

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
MxB1/3.3	2,6	7,6	7,7	1,3
MxFS94.3	3,1	6,7	8,0	1,7
MxG39	3,1	6,7	7,6	1,5
MxG50	3,4	7,3	8,5	1,8
MxH149	2,6	6,7	7,0	1,3
MxH165	2,8	7,2	7,8	1,5
MxH176	3,4	6,8	8,1	1,8
MxH355	2,7	7,9	8,0	1,5
MxH44	2,1	7,3	7,2	1,4
MxHIY1	1,7	7,9	7,0	1,0
MxINL1	3,1	7,2	8,0	1,7
MxINL2	2,5	7,7	7,9	1,4
MxJ134	3,0	6,6	7,5	1,6
MxJ154	2,7	7,4	7,6	1,3
MxJ161	2,9	7,4	7,9	1,6
MxJ166	3,7	6,7	7,6	1,8
MxJ32	3,1	6,5	7,6	1,6
MxJ400	3,5	6,2	7,8	1,9
MxJ401	3,2	6,4	7,5	1,6
MxJ408	3,3	6,4	7,7	1,7
MxJ45	3,6	6,0	7,6	1,8
MxK199.16.2	2,5	7,6	7,6	1,3
MxMOL1	3,1	7,5	8,1	1,5
MxMOL2	2,2	7,5	7,2	1,1
MxMOY4	3,2	6,7	7,8	1,6
MxR53	2,9	7,3	7,9	1,5
MxR99	2,7	6,9	7,6	1,6
MxRS13/6	2,5	6,9	7,3	1,3
MxRS4/2	2,9	7,7	7,9	1,5
MxRS4/6	2,3	7,0	7,2	1,3
MxRS7/6	2,6	7,1	7,5	1,5
MxS108.1.1	3,3	6,6	8,0	1,7
MxS13	2,6	7,2	7,4	1,3
MxS228.8.1	3,0	6,9	7,8	1,6
MxS45.2.2	2,8	7,8	7,9	1,4
MxVIL1	3,3	6,8	8,0	1,7
RxB1/3.3	3,3	7,0	8,1	1,7
RxG50	3,9	6,7	8,5	2,1
RxH149	3,1	6,5	7,4	1,5
RxH165	3,3	6,0	7,3	1,5
RxH176	3,5	6,0	7,5	1,7
RxH355	3,3	7,1	8,3	1,7

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab. XI: Beobachtungsanbau der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über sechs Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
RxH44	2,6	6,5	7,3	1,5
RxINL1	3,4	6,2	7,7	1,8
RxINL2	3,2	7,1	8,1	1,7
RxJ112	3,5	6,4	7,8	1,8
RxJ134	3,6	6,4	8,0	1,8
RxJ154	3,7	6,7	8,1	1,7
RxJ161	3,4	6,2	7,7	1,7
RxJ166	4,0	6,0	7,9	1,8
RxJ32	4,6	5,9	8,5	2,1
RxJ400	3,8	5,9	7,7	1,9
RxJ408	4,0	6,0	7,6	2,0
RxJ410	4,1	5,8	8,0	2,0
RxJ45	3,9	5,9	8,1	2,0
RxMOL1	4,0	6,3	8,3	1,9
RxOLL1	4,0	6,6	8,5	2,0
RxR53	3,6	6,6	8,1	1,8
RxR99	3,6	6,1	7,9	1,9
RxRS10/7	3,0	6,8	7,6	1,4
RxRS13/6	3,0	6,5	7,6	1,6
RxRS4/2	3,6	6,6	7,9	1,7
RxRS7/6	3,2	6,5	7,7	1,7
RxRS8/6	3,9	6,6	8,6	1,9
RxS108.1.1	3,9	6,2	8,1	1,8
RxS13	3,4	6,7	7,7	1,6
RxS45.2.2	3,5	6,8	7,9	1,8
MSL 007	3,2	6,9	7,9	1,6
Tester_Syngenta	3,8	5,8	7,9	2,0
Visby	3,9	6,3	8,4	2,1
LSD (p = 0,05)	0,4	0,5	0,5	0,2
Min.	1,7	5,8	7,0	1,0
Max.	4,6	7,9	8,6	2,1
MW Testhybriden	3,2	6,7	7,8	1,6
MW Standards	3,6	6,3	8,0	1,9

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab. XII: Ergebnisse der ANOVA für den 6-ortigen Beobachtungsanbau der Testhybriden, gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

	Varianzursache ^a	Genotyp	Ort	GxO	Fehler ^b	h ²
	TKG	0,16**	0,44**	0,17**	0,09	0,85
	Wuchshöhe	48,43**	58,74**	71,62**	33,28	0,73
	Blühbeginn	3,73**	1,07**	2,28**	0,81	0,83
	Winterfestigkeit	1,21**	1,60**	2,33**	0,58	0,72
	ÖL	1,53**	3,78**	1,41**	0,58	0,87
	C18:3	0,15**	0,68**	0,15**	0,10	0,86
	C22:1	28,81**	1,07**	10,96**	4,73	0,94
	Protein	0,65**	3,49**	1,10**	0,50	0,78
	Glucosinolate	99,27**	39,39**	43,35**	18,99	0,93
Phytosterole	Brassicasterol	387,92**	525,07**	177,82**	119,61	0,93
	Camposterol	4788,83**	3897,67**	2907,25**	1558,15	0,91
	Stigmasterol	0,07**	0,18**	0,07**	0,02	0,86
	Sitosterol	5247,09**	257,88**	2217,38**	1296,42	0,93
	Avenasterol	73,20**	138,15**	87,69**	37,06	0,83
	Phytosterol gesamt	25392,83**	4715,22**	12856,83**	7600,75	0,92
Sinapoyle	Sinapoylglucose	0,27**	0,10**	0,13**	0,09	0,93
	Sinapin	0,27**	0,14**	0,17**	0,12	0,91
	andere SE	0,05**	0,02**	0,03**	0,02	0,91
	Sinapinsäure gesamt	0,10**	0,02**	0,18**	0,13	0,77

^a GxO = Interaktion zwischen Genotyp und Ort, h² = Heritabilität; ^b Fehler geschätzt aus 4 Orten mit je 2 Wiederholungen; +, *, ** signifikant bei p = 0,1, p=0,05 bzw. bei p=0,01

Tab. XIII: Gesamtglucosinolatgehalt und Glucosinolatmuster der Testhybriden aus dem Beobachtungsanbau am Standort Göttingen

Genotyp	PRO [%]	SIN [%]	GNL [%]	RAA [%]	RAE [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL gesamt [µmol/g]
MxB1/3.3	63,2	0,5	1,5	0,8	0,6	20,1	8,9	2,0	0,5	1,8	0,2	0,1	80,6
MxBOY1	66,0	0,0	0,0	0,0	0,0	23,3	7,3	2,2	0,5	0,6	0,1	0,0	90,5
MxCRL1	37,9	6,7	3,3	0,0	0,0	23,9	10,2	14,4	0,7	2,8	0,1	0,0	68,4
MxCRY2	51,5	0,2	0,0	0,0	0,0	38,3	4,4	5,1	0,1	0,3	0,1	0,0	128,3
MxFS94.3	47,2	1,8	2,8	1,1	2,3	21,4	12,7	7,3	0,5	2,7	0,1	0,0	46,5
MxG39	51,6	8,7	2,3	0,0	0,0	22,0	8,9	4,4	0,4	1,7	0,1	0,1	72,4
MxG50	45,9	4,0	2,3	0,0	0,0	20,0	12,3	11,3	0,7	3,3	0,1	0,0	50,0
MxH149	63,9	0,3	0,8	1,1	0,1	19,3	8,4	3,4	0,4	2,1	0,2	0,0	59,7
MxH165	65,2	0,8	1,1	0,0	0,0	18,3	9,5	3,4	0,5	1,1	0,1	0,0	54,1
MxH176	56,0	0,4	0,0	0,0	0,0	19,1	18,9	2,8	1,0	1,6	0,2	0,1	34,2
MxH355	39,6	0,7	4,7	0,4	1,7	36,8	8,9	4,5	0,7	1,6	0,2	0,0	77,6
MxH44	41,1	4,0	0,0	0,0	0,0	35,4	12,5	4,5	1,0	1,3	0,1	0,2	44,5
MxHIY1	53,8	0,0	0,0	0,0	0,0	35,3	7,3	2,9	0,2	0,3	0,2	0,0	126,5
MxINL1	33,9	5,1	1,6	0,0	0,0	34,9	12,1	9,1	0,5	2,7	0,0	0,1	48,7
MxINL2	48,2	0,7	0,0	0,0	0,0	34,6	9,1	5,7	0,5	1,0	0,1	0,0	64,2
MxINY1	42,8	0,0	0,0	0,0	0,0	35,1	18,1	0,0	1,5	2,1	0,3	0,1	29,1
MxINY3	43,7	0,5	0,0	0,0	0,0	42,6	7,3	4,2	0,5	1,0	0,1	0,0	90,2
MxINY6	62,6	0,1	0,0	0,0	0,0	20,4	10,4	3,9	0,8	1,5	0,1	0,1	55,3
MxISY1	47,4	2,3	0,0	0,0	0,0	40,8	5,2	3,5	0,2	0,3	0,3	0,1	98,3
MxJ104	44,3	6,5	0,6	0,0	0,0	35,6	9,9	1,2	0,6	1,1	0,1	0,1	65,2
MxJ134	43,7	4,8	0,0	0,0	0,0	23,8	11,8	10,8	1,1	3,8	0,1	0,1	37,3
MxJ154	52,2	7,2	0,0	0,0	0,0	31,2	6,2	1,8	0,3	0,9	0,1	0,1	72,2
MxJ161	57,3	3,3	0,5	0,0	0,0	29,3	7,4	0,6	0,5	0,9	0,1	0,1	65,2
MxJ166	58,1	0,0	0,0	0,0	0,0	27,3	7,4	3,2	0,2	0,6	0,2	3,0	80,7
MxJ32	42,1	1,8	0,0	0,0	0,0	39,3	12,8	2,4	0,4	1,1	0,1	0,0	53,2

Tab. XIII: Gesamtglucosinolatgehalt und Glucosinolatmuster der Testhybriden aus dem Beobachtungsanbau am Standort Göttingen (Fortsetzung)

Genotyp	PRO [%]	SIN [%]	GNL [%]	RAA [%]	RAE [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL gesamt [µmol/g]
MxJ400	46,1	9,2	1,6	0,0	0,0	31,0	7,4	2,5	0,5	1,5	0,1	0,1	86,0
MxJ401	46,5	8,3	2,8	0,0	0,0	23,1	10,5	5,5	0,7	2,5	0,1	0,1	47,2
MxJ408	42,8	6,8	2,2	0,0	0,0	30,9	8,6	5,6	0,7	2,1	0,2	0,1	62,5
MxJ410	47,4	8,3	1,5	0,0	0,0	29,2	7,1	3,9	0,3	2,2	0,1	0,0	76,8
MxJ45	52,2	9,3	0,7	0,0	0,0	26,9	7,5	2,0	0,4	0,8	0,1	0,1	94,6
MxK160.1.1	40,8	0,8	4,2	0,5	2,3	35,5	10,8	2,5	0,6	1,9	0,1	0,0	61,3
MxK199.16.2	44,6	1,1	6,3	0,0	0,0	35,8	7,8	2,2	0,5	1,6	0,1	0,0	60,2
MxMAY1	49,9	8,0	0,0	0,0	0,0	32,2	4,8	3,9	0,1	0,9	0,1	0,1	142,4
MxMOL1	44,5	2,4	2,1	0,9	1,6	27,2	5,4	13,1	0,3	2,3	0,2	0,0	72,8
MxMOL2	36,3	2,9	1,8	0,0	0,0	40,5	8,1	8,3	0,1	1,9	0,1	0,0	68,5
MxMOY1	49,0	0,2	0,0	0,0	0,0	41,2	5,7	3,0	0,2	0,5	0,1	0,0	110,5
MxMOY4	41,9	0,3	0,0	0,0	0,0	38,6	13,5	3,7	0,8	1,0	0,1	0,1	46,2
MxMOY5	45,8	1,3	0,0	0,0	0,0	37,1	11,4	3,0	0,4	1,0	0,1	0,1	56,2
MxMOY6	39,3	0,3	0,0	0,0	0,0	42,9	13,2	1,6	1,0	1,5	0,1	0,1	55,4
MxOLL1	44,2	0,4	0,0	0,0	0,0	20,6	21,3	8,5	2,0	2,5	0,2	0,2	30,8
MxOLY1	45,9	0,6	1,2	0,0	0,0	44,3	4,9	2,3	0,1	0,6	0,0	0,0	110,1
MxOLY2	31,4	1,8	0,9	0,0	0,0	48,6	8,3	7,4	0,3	1,4	0,1	0,0	67,7
MxR53	48,7	4,5	3,5	0,1	0,1	19,1	17,2	3,2	1,2	2,5	0,2	0,0	37,6
MxR76	53,3	0,3	0,5	2,6	5,0	16,7	7,8	9,0	0,4	4,2	0,0	0,0	77,5
MxR99	46,4	1,0	0,0	0,0	0,0	25,5	22,7	1,5	1,4	1,4	0,2	0,0	36,0
MxRS10/7	59,0	1,2	3,6	0,0	0,0	26,3	7,2	1,5	0,3	0,9	0,1	0,0	78,6
MxRS13/6	46,5	6,2	1,6	0,0	0,0	31,8	7,6	4,2	0,3	1,6	0,1	0,0	82,9
MxRS4/2	57,5	4,4	3,0	0,0	0,0	17,6	11,6	3,5	0,7	1,4	0,2	0,1	50,1
MxRS4/6	51,1	2,4	1,1	0,0	0,0	26,8	14,6	1,5	0,7	1,8	0,1	0,0	46,3
MxRS7/6	37,4	1,7	2,7	0,4	2,2	38,6	10,3	4,2	1,0	1,2	0,1	0,0	55,8

Tab. XIII: Gesamtglucosinolatgehalt und Glucosinolatmuster der Testhybriden aus dem Beobachtungsanbau am Standort Göttingen (Fortsetzung)

Genotyp	PRO [%]	SIN [%]	GNL [%]	RAA [%]	RAE [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL gesamt [µmol/g]
MxRS8/6	50,2	2,3	0,9	0,9	1,9	28,5	9,8	3,3	0,6	1,4	0,1	0,0	61,1
MxS108.1.1	47,9	0,2	3,6	1,1	1,7	28,6	11,7	2,2	0,9	2,1	0,1	0,1	57,9
MxS13	56,2	2,7	1,5	0,0	0,0	24,9	6,7	5,5	0,3	1,9	0,1	0,0	82,9
MxS228.8.1	50,5	0,4	1,5	0,0	0,0	29,7	12,4	3,1	0,5	1,9	0,2	0,0	56,7
MxS237.20.1	53,9	0,0	10,4	0,0	0,0	22,9	9,5	1,3	0,7	1,2	0,1	0,0	69,5
MxS39	52,1	0,0	7,4	0,3	3,1	22,4	8,1	4,2	0,4	1,8	0,2	0,0	68,5
MxS45.2.2	36,0	1,6	0,8	0,5	6,9	32,6	11,5	5,8	0,5	3,5	0,2	0,1	56,0
MxVIL1	38,4	0,4	0,0	0,0	0,0	47,1	9,6	3,4	0,3	0,8	0,0	0,0	57,8
RxB1/3.3	54,7	3,6	1,4	0,0	0,0	23,6	12,1	2,5	0,9	1,1	0,1	0,1	72,7
RxBOY1	76,2	0,1	0,0	0,5	1,3	4,1	12,8	1,7	0,8	2,1	0,5	0,2	40,6
RxCRL1	43,7	0,1	0,1	5,4	0,1	20,8	11,3	11,6	5,0	2,1	0,2	0,1	36,3
RxCRY2	44,4	2,5	1,2	3,3	2,6	21,0	13,6	6,9	1,6	2,1	0,5	0,2	41,8
RxG39	50,5	8,1	2,6	0,0	0,0	23,1	8,9	4,4	0,5	1,6	0,2	0,1	58,9
RxG50	40,9	6,0	6,0	2,6	0,0	14,8	14,1	11,4	1,3	2,6	0,3	0,0	44,5
RxH149	61,0	0,2	1,5	0,0	0,0	21,7	10,3	2,9	0,5	1,3	0,5	0,1	61,5
RxH165	57,9	0,0	2,8	2,2	0,0	16,5	15,4	2,5	1,0	1,4	0,2	0,1	44,8
RxH176	52,5	0,3	1,4	0,0	0,0	19,4	19,8	3,2	1,8	1,4	0,2	0,0	41,6
RxH355	39,7	6,4	0,0	0,0	0,0	36,3	10,1	4,7	1,4	0,9	0,2	0,1	68,4
RxH44	38,5	3,5	1,5	1,0	0,0	31,1	16,0	5,7	1,3	1,2	0,2	0,1	39,6
RxINL1	40,5	0,0	0,0	2,6	0,8	31,8	10,5	9,9	0,8	2,6	0,4	0,1	40,4
RxINL2	42,9	0,0	0,0	1,0	0,8	39,9	8,2	5,5	0,3	1,0	0,2	0,1	60,0
RxINY3	40,0	2,4	0,0	0,0	0,0	43,5	8,3	4,1	0,8	0,9	0,1	0,0	66,7
RxJ104	44,3	7,4	1,3	1,2	0,0	35,4	7,3	1,1	0,8	0,9	0,3	0,1	58,2
RxJ112	50,4	7,9	1,6	1,1	0,1	27,0	7,6	1,9	0,8	1,2	0,3	0,1	67,8
RxJ134	43,9	3,1	3,7	0,6	0,0	25,7	9,7	8,5	1,1	3,4	0,2	0,1	37,5

Tab. XIII: Gesamtglucosinolatgehalt und Glucosinolatmuster der Testhybriden aus dem Beobachtungsanbau am Standort Göttingen (Fortsetzung)

Genotyp	PRO [%]	SIN [%]	GNL [%]	RAA [%]	RAE [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL gesamt [µmol/g]
RxJ154	38,1	9,8	1,0	0,3	0,0	36,3	9,7	2,3	0,8	1,4	0,2	0,1	61,6
RxJ166	47,7	5,7	1,5	1,8	0,0	24,8	12,2	2,3	2,4	1,2	0,3	0,1	48,7
RxJ400	30,8	9,4	2,0	1,5	0,0	39,6	10,6	3,2	1,0	1,5	0,3	0,2	52,0
RxJ401	51,7	1,3	2,2	0,9	0,0	24,5	10,4	5,7	0,8	2,4	0,2	0,1	45,1
RxK160.1.1	47,3	3,4	0,1	0,1	0,1	27,9	15,6	3,2	1,3	1,4	0,0	0,0	37,1
RxMOL1	42,4	0,1	0,0	0,1	5,0	33,7	4,7	12,9	0,2	0,8	0,1	0,0	68,4
RxMOL2	42,7	0,4	0,0	1,6	0,9	34,3	11,0	6,6	0,8	1,2	0,4	0,1	44,1
RxMOY2	44,6	0,0	0,3	0,5	0,0	45,9	2,8	4,9	0,1	0,7	0,1	0,0	88,0
RxMOY6	49,9	0,6	0,9	1,4	0,0	26,3	10,1	8,1	0,7	1,6	0,3	0,1	46,7
RxOLL1	42,0	3,3	4,5	0,0	0,0	23,1	15,6	6,2	2,6	2,2	0,5	0,1	34,9
RxR53	42,8	7,8	2,9	0,7	0,9	20,6	16,1	4,4	1,5	1,9	0,3	0,1	52,2
RxR99	39,0	5,8	1,6	1,2	0,0	29,4	17,5	2,0	1,5	1,9	0,2	0,1	51,7
RxRS10/7	44,5	9,1	1,6	0,5	0,0	24,6	15,2	1,2	1,4	1,6	0,2	0,1	49,5
RxRS13/6	41,5	6,0	1,4	0,3	0,0	33,7	10,8	3,7	0,7	1,6	0,1	0,0	72,6
RxRS4/2	45,6	6,3	2,5	0,0	0,0	23,2	17,4	1,9	1,0	1,7	0,2	0,1	43,8
RxRS7/6	41,0	4,4	1,1	0,0	0,0	31,7	11,9	6,6	2,0	1,1	0,0	0,1	48,8
RxRS8/6	53,2	0,4	0,0	0,0	0,0	22,8	15,7	5,5	1,5	0,9	0,0	0,0	37,9
RxS108.1.	51,5	1,0	0,7	0,0	0,0	25,1	14,1	4,2	1,9	1,3	0,1	0,0	61,5
RxS13	60,4	0,5	2,3	0,0	0,0	21,5	7,9	5,4	0,4	1,4	0,1	0,0	100,2
RxS237.20.1	50,2	7,2	0,1	0,1	0,1	20,0	16,7	2,5	1,6	1,6	0,0	0,2	34,6
RxS45.2.2	42,4	3,8	0,7	0,0	0,0	26,1	15,5	7,8	1,0	2,5	0,1	0,0	57,1
TesterSyngenta	44,7	2,5	0,0	0,0	0,0	19,1	26,2	2,6	2,8	2,2	0,0	0,0	23,3
MSL007	39,7	1,5	0,0	0,0	0,0	22,6	27,8	3,1	1,8	3,0	0,4	0,1	24,0
Visby	48,2	0,0	0,0	0,0	0,0	20,0	25,9	1,0	2,1	2,7	0,0	0,0	20,1

Tab. XIII: Gesamtglucosinolatgehalt und Glucosinolatmuster der Testhybriden aus dem Beobachtungsanbau am Standort Göttingen (Fortsetzung)

Genotyp	PRO [%]	SIN [%]	GNL [%]	RAA [%]	RAE [%]	GNA [%]	4OH [%]	GBN [%]	GBC [%]	NAS [%]	4ME [%]	NEO [%]	GSL gesamt [µmol/g]
LSD (p=0,05)	11,1	3,7	2,3	1,2	0,8	7,8	3,3	2,4	0,5	0,8	0,2	0,1	17,7
Min	30,8	0,0	0,0	0,0	0,0	4,1	2,8	0,0	0,1	0,3	0,0	0,0	20,1
Max	76,2	9,8	10,4	5,4	6,9	48,6	27,8	14,4	5,0	4,2	0,5	3,0	142,4
MW Testhybriden	47,5	3,0	1,5	0,5	0,4	29,0	10,8	4,6	0,8	1,6	0,2	0,1	61,8
MW Standards	44,2	1,3	0,0	0,0	0,0	20,6	26,6	2,2	2,3	2,6	0,1	0,0	22,5
MxINY4¹	53,7	0,0	0,0	0,0	0,0	33,6	7,7	3,4	0,3	1,3	0,1	0,1	41,8
MxRS8/6¹	59,9	2,5	0,0	0,9	2,1	25,1	5,7	2,7	0,2	0,9	0,1	0,0	62,0
RxINY1¹	55,7	0,0	0,0	0,0	0,0	30,5	11,2	1,3	0,5	0,8	0,1	0,2	48,9
RxJ161¹	38,7	0,1	6,7	0,0	0,1	45,0	4,1	3,1	0,3	1,7	0,2	0,0	77,2
RxJ408¹	45,3	2,3	4,1	0,8	3,0	28,9	9,6	4,3	0,4	1,0	0,2	0,3	55,9
RxJ410¹	43,6	1,6	3,0	0,1	0,1	31,6	13,1	4,2	1,0	1,3	0,2	0,1	41,8
RxVIL1¹	37,2	0,0	0,1	0,1	0,1	47,2	10,0	2,5	0,9	1,6	0,2	0,2	51,9

¹Ergebnisse für diese Resynthesen stammen vom Standort Einbeck und wurden daher nicht zusammen mit den übrigen aufgeführten Resynthesen vom Standort Göttingen verrechnet.

Leistungsprüfungen der Testhybriden

Tab. XIV: Leistungsprüfungen der Testhybriden: Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über vier Standorte

Genotyp	Brassica -sterol [mg/kg]	Campo -sterol [mg/kg]	Stigma -sterol [mg/kg]	Sito -sterol [mg/kg]	Avena -sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
MSL007xB1/3.3	295,1	1190,5	10,5	1811,2	67,2	3527,4
MSL007xBOY1	319,8	1179,1	10,7	1838,5	63,3	3566,8
MSL007xFS94.3	327,6	1282,2	10,7	1928,5	76,1	3770,8
MSL007xG39	317,3	1161,9	10,8	1811,8	59,4	3515,0
MSL007xG50	286,9	1338,8	10,5	1917,2	68,8	3774,7
MSL007xH149	284,5	1140,2	10,2	1712,6	72,5	3390,5
MSL007xH165	311,3	1198,2	10,4	1808,9	69,0	3547,9
MSL007xH176	314,9	1211,7	10,2	1792,6	73,1	3533,6
MSL007xH44	317,5	1053,3	10,8	1709,2	61,5	3289,0
MSL007xINL2	299,9	1152,0	11,0	1819,3	57,4	3473,3
MSL007xJ134	330,9	1112,9	11,0	1778,8	69,5	3413,5
MSL007xJ154	297,3	1134,9	11,1	1829,1	60,9	3483,5
MSL007xJ161	309,5	1124,7	10,7	1768,4	66,0	3422,8
MSL007xJ166	281,2	1112,9	11,2	1813,2	44,0	3423,5
MSL007xJ32	314,2	1204,3	10,7	1847,4	62,7	3585,7
MSL007xJ401	325,0	1163,5	10,7	1784,6	70,9	3533,0
MSL007xJ45	297,4	1156,9	11,0	1831,9	56,5	3520,8
MSL007xK199.16.2	287,6	1108,9	10,6	1712,0	57,4	3319,6
MSL007xMOL1	281,2	1184,7	10,7	1827,7	47,8	3501,7
MSL007xMOL2	315,4	1110,3	11,3	1840,4	49,6	3478,6
MSL007xMOY5	301,3	1129,4	11,2	1825,1	54,9	3509,9
MSL007xR53	285,0	1141,4	10,2	1714,6	54,0	3350,1
MSL007xR99	314,2	1254,7	10,5	1871,4	66,5	3665,0
MSL007xRS13/6	278,7	1112,5	10,3	1709,6	57,5	3312,3
MSL007xRS4/2	304,0	1125,8	10,7	1770,6	58,8	3409,1
MSL007xS108.1.1	288,9	1276,7	10,4	1890,3	69,4	3706,1
MSL007xS13	249,8	1156,6	10,0	1723,5	66,4	3393,1
MSL007xS228.8.1	301,7	1168,9	10,6	1800,0	60,1	3496,4
MSL007xS45.2.2	327,4	1132,1	10,8	1763,6	66,4	3453,9
MSL007xVIL1	292,9	1177,0	10,8	1818,4	60,5	3514,8
RNX4621xB1/3.3	302,2	1180,9	10,8	1858,4	67,4	3571,7
RNX4621xBOY1	322,0	1178,6	11,1	1879,9	63,8	3471,6
RNX4621xG39	314,4	1214,9	11,1	1907,9	64,4	3673,0
RNX4621xG50	313,5	1330,2	10,5	1965,5	76,9	3858,9
RNX4621xH149	299,4	1130,7	10,5	1742,4	71,5	3437,5
RNX4621xH165	309,7	1200,6	10,6	1841,0	65,0	3606,6
RNX4621xH176	326,5	1193,1	10,8	1851,8	63,9	3603,8
RNX4621xH355	290,0	1135,8	10,9	1816,7	52,6	3475,4
RNX4621xH44	323,7	1098,6	10,9	1776,1	63,3	3410,5
RNX4621xINL1	333,1	1224,2	11,1	1929,4	70,8	3727,3
RNX4621xINL2	319,6	1137,9	11,2	1855,1	61,0	3517,6

Tab. XIV: Leistungsprüfungen der Testhybriden: Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über vier Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Brassica -sterol [mg/kg]	Campo -sterol [mg/kg]	Stigma -sterol [mg/kg]	Sito -sterol [mg/kg]	Avena -sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
RNX4621xJ112	303,8	1210,1	10,7	1869,1	69,0	3629,8
RNX4621xJ134	335,0	1150,3	11,0	1841,3	70,3	3534,2
RNX4621xJ154	326,8	1284,5	10,7	1956,5	79,4	3839,4
RNX4621xJ161	333,2	1248,5	10,9	1927,1	68,5	3765,4
RNX4621xJ166	289,8	1183,2	11,0	1890,3	57,0	3604,9
RNX4621xJ401	341,8	1198,3	10,9	1844,0	68,0	3600,9
RNX4621xJ408	285,5	1161,7	10,8	1815,4	58,1	3500,8
RNX4621xJ410	299,2	1217,5	10,9	1887,6	63,4	3659,6
RNX4621xJ45	314,6	1263,3	10,8	1932,5	71,1	3764,1
RNX4621xMOY4	323,5	1307,2	10,7	1971,7	73,2	3872,6
RNX4621xOLL1	328,7	1189,5	10,9	1864,8	66,8	3586,4
RNX4621xR53	275,4	1134,1	10,4	1740,2	52,3	3361,4
RNX4621xR99	314,3	1262,4	10,7	1912,9	68,6	3745,3
RNX4621xRS10/7	307,2	1222,5	10,7	1858,4	71,3	3667,4
RNX4621xRS13/6	281,2	1208,7	10,4	1820,6	64,5	3550,6
RNX4621xRS4/2	316,6	1259,0	10,5	1892,1	70,6	3707,2
RNX4621xRS7/6	319,0	1089,6	11,1	1794,0	54,6	3408,8
RNX4621xRS8/6	300,7	1249,4	10,6	1877,7	61,5	3654,3
RNX4621xRUY1	327,4	1304,3	10,7	1960,6	74,1	3871,9
RNX4621xS108.1.1	309,7	1162,9	10,9	1847,3	58,1	3556,5
RNX4621xS13	277,0	1185,5	10,5	1823,1	69,1	3553,7
RNX4621xS39	325,4	1291,3	11,0	1992,1	71,1	3875,7
RNX4621xS45.2.2	321,5	1220,6	11,1	1916,9	63,1	3705,0
MSL007	331,7	1379,6	10,1	1944,8	86,4	3929,3
TesterSyngenta	321,9	1261,0	10,9	1942,8	63,6	3792,7
Visby	362,7	1351,4	10,9	2068,5	93,6	4078,1
LSD (p=0,05)	22,38	75,60	0,34	68,07	10,66	154,59
Min.	22,4	75,6	0,3	68,1	10,7	154,6
Max.	362,7	1379,6	11,3	2068,5	93,6	4078,1
MW Testhybriden	307,3	1187,9	10,7	1839,5	64,2	3566,4
MW Standards	338,8	1330,7	10,6	1985,4	81,2	3933,4

Tab XV: Leistungsprüfungen der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über vier Standorte

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
MSL007xB1/3.3	2,4	7,1	6,9	1,0
MSL007xBOY1	2,8	6,9	7,3	1,4
MSL007xFS94.3	3,3	6,4	7,7	1,7
MSL007xG39	3,2	6,9	8,0	1,6
MSL007xG50	3,5	6,7	8,0	1,7
MSL007xH149	2,8	6,5	7,0	1,3
MSL007xH165	3,1	6,8	7,3	1,3
MSL007xH176	3,1	6,6	7,6	1,6
MSL007xH44	2,3	7,1	7,0	1,3
MSL007xINL2	3,1	7,0	7,3	1,2
MSL007xJ134	2,8	6,5	6,9	1,3
MSL007xJ154	2,7	6,9	7,0	1,2
MSL007xJ161	3,2	6,2	7,3	1,5
MSL007xJ166	3,3	5,9	7,4	1,6
MSL007xJ32	3,0	6,7	7,5	1,6
MSL007xJ401	3,3	6,2	7,2	1,6
MSL007xJ45	3,1	5,9	6,9	1,6
MSL007xK199.16.2	2,8	7,2	7,4	1,5
MSL007xMOL1	3,4	6,6	7,6	1,4
MSL007xMOL2	1,9	7,0	6,4	1,0
MSL007xMOY5	2,8	6,5	6,7	1,1
MSL007xR53	3,2	7,0	7,6	1,5
MSL007xR99	2,8	6,5	7,2	1,4
MSL007xRS13/6	2,1	6,9	7,0	1,3
MSL007xRS4/2	3,0	7,0	7,3	1,4
MSL007xS108.1.1	3,3	6,1	7,4	1,6
MSL007xS13	2,7	7,2	7,0	1,1
MSL007xS228.8.1	2,8	6,5	7,1	1,4
MSL007xS45.2.2	3,0	7,0	7,4	1,4
MSL007xVIL1	3,5	6,3	7,4	1,5

RNX4621xB1/3.3	3,2	6,7	7,4	1,4
RNX4621xBOY1	3,8	5,8	7,4	1,6
RNX4621xG39	3,7	6,1	7,6	1,7
RNX4621xG50	4,1	6,1	8,1	1,9
RNX4621xH149	3,4	6,1	7,2	1,5
RNX4621xH165	3,6	5,9	7,4	1,6
RNX4621xH176	3,9	5,6	7,6	1,8
RNX4621xH355	4,1	6,6	8,3	1,7
RNX4621xH44	2,7	6,8	7,4	1,5
RNX4621xINL1	4,0	6,0	7,9	1,8
RNX4621xINL2	3,5	6,5	7,4	1,5
RNX4621xJ112	3,8	5,8	7,8	1,9

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab XV: Leistungsprüfungen der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über vier Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
RNX4621xJ134	3,4	5,9	7,2	1,6
RNX4621xJ154	3,7	6,1	7,6	1,7
RNX4621xJ161	4,1	5,5	7,7	1,8
RNX4621xJ166	3,9	5,4	7,4	1,8
RNX4621xJ401	3,6	6,1	7,4	1,7
RNX4621xJ408	4,1	5,8	7,8	2,0
RNX4621xJ410	4,1	5,1	7,1	1,8
RNX4621xJ45	3,8	5,5	7,2	1,7
RNX4621xMOY4	3,6	5,5	6,9	1,6
RNX4621xOLL1	4,3	6,2	8,5	2,0
RNX4621xR53	3,5	6,1	7,4	1,6
RNX4621xR99	3,3	5,7	7,0	1,6
RNX4621xRS10/7	3,2	6,1	7,2	1,6
RNX4621xRS13/6	3,8	5,8	7,5	1,7
RNX4621xRS4/2	3,9	6,0	7,9	1,8
RNX4621xRS7/6	3,0	6,8	7,6	1,5
RNX4621xRS8/6	3,8	6,1	8,1	1,7
RNX4621xRUY1	3,4	5,9	7,2	1,7
RNX4621xS108.1.1	3,6	5,8	7,5	1,7
RNX4621xS13	3,6	6,3	7,3	1,5
RNX4621xS39	4,0	5,7	7,9	1,9
RNX4621xS45.2.2	3,7	6,2	7,8	1,8

MSL007	3,2	6,6	7,6	1,6
TesterSyngenta	3,5	5,0	6,5	1,6
Visby	4,4	5,5	7,9	2,0
LSD (p=0,05)	0,57	0,67	0,77	0,27
Min.	0,6	0,7	0,8	0,3
Max.	4,4	7,2	8,5	2,0
MW Testhybriden	3,3	6,3	7,4	1,6
MW Standards	3,7	5,7	7,3	1,7

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab. XVI: Leistungsprüfungen der Teshybriden: Ertrags-, NIRS- und Boniturdaten, gemittelt über neun Standorte

146

Genotyp	Ertrag [dt/ha]	Öl [%]	C 22:1 [%]	Protein [%]	GSL [μmol/g]	TKG [g]	Höhe [cm]	BoF	WF	Lager
MxB1/3.3	40,5	43,8	11,2	19,2	50,8	4,4	175,0	117,0	3,3	2,0
MxFS94.3	41,7	42,8	3,1	18,9	34,2	4,4	172,5	118,3	3,1	2,6
MxG39	37,9	42,4	10,4	20,0	51,7	4,4	166,3	120,0	3,3	3,7
MxG50	41,7	43,8	1,0	18,5	37,5	4,3	163,8	117,8	2,9	1,9
MxH149	46,6	45,1	22,8	18,3	44,8	4,3	165,6	114,3	2,6	3,1
MxH165	39,2	44,1	13,8	19,3	38,5	4,1	156,3	118,5	3,6	2,3
MxH176	49,5	45,4	15,4	18,2	26,9	4,6	165,6	118,2	3,0	1,9
MxH44	44,2	44,5	22,8	19,7	33,5	4,7	157,5	113,0	2,9	1,9
MxJ154	35,8	42,3	15,0	19,8	49,8	5,1	154,4	110,3	3,9	2,3
MxJ161	33,2	43,6	17,0	18,8	36,9	4,1	145,6	116,7	4,5	3,6
MxJ401	41,9	42,7	12,4	19,1	31,9	4,9	162,5	115,0	3,5	2,4
MxMOL1	39,4	42,0	11,3	19,9	53,8	4,6	163,1	118,5	3,3	2,4
MxMOL2	44,9	40,7	10,4	21,0	55,9	5,0	171,3	120,2	3,0	1,9
MxR53	43,2	45,3	21,3	19,2	34,7	4,6	161,3	116,7	2,1	2,0
MxR99	42,4	43,7	7,1	19,1	30,6	4,3	166,3	115,7	2,9	1,7
MxS13	46,7	46,2	23,9	18,2	58,0	4,2	156,9	116,5	2,4	2,6
MxS45.2.2	38,5	43,3	14,7	19,9	40,6	4,2	155,0	113,3	3,9	2,3
MxVIL1	39,4	42,4	11,5	19,6	38,8	4,9	168,6	115,8	3,1	1,9
RxB1/3.3	39,6	42,5	10,8	19,4	50,2	4,6	173,8	118,0	3,0	2,1
RxG39	40,4	42,0	6,1	19,0	38,9	4,7	173,8	119,0	2,6	2,0
RxG50	42,1	43,3	0,9	18,0	35,5	4,4	164,4	118,0	2,3	2,1
RxH149	46,2	43,9	21,1	18,4	44,0	4,6	160,0	113,2	2,1	3,6
RxH165	38,0	43,1	12,9	19,3	34,5	4,1	156,3	119,5	3,1	2,4
RxH176	47,1	43,8	12,4	18,2	27,3	4,8	164,4	117,7	2,8	2,1
RxH44	44,3	44,5	20,2	19,0	30,1	4,8	163,1	113,8	2,9	2,0
RxINL2	40,7	41,6	8,6	19,5	41,8	4,9	163,1	115,8	2,3	2,1

Tab. XVI: Leistungsprüfungen der Teshybriden: Ertrags-, NIRS- und Boniturdaten, gemittelt über neun Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Ertrag [dt/ha]	ÖL [%]	C 22:1 [%]	Protein [%]	GSL [µmol/g]	TKG [g]	Höhe [cm]	BoF	WF	Lager
RxJ134	41,5	42,6	10,1	18,6	30,8	4,8	154,4	115,0	3,1	2,9
RxJ161	40,7	42,6	10,6	18,3	28,5	4,3	152,5	116,2	2,8	2,9
RxJ401	41,5	41,7	10,0	18,9	32,5	5,3	165,0	115,7	2,6	2,6
RxJ408	39,7	42,2	17,8	18,8	42,4	4,3	153,8	113,5	4,4	2,7
RxR53	44,1	43,9	19,4	19,2	34,1	4,8	163,1	117,2	2,5	2,0
RxR99	46,6	43,1	4,7	18,5	28,8	4,4	161,9	116,8	2,3	2,4
RxRS4/2	45,3	43,0	10,3	18,9	30,9	4,4	171,3	117,2	3,0	2,4
RxRS7/6	42,2	43,4	19,6	19,6	37,5	4,9	161,3	112,7	2,5	2,4
RxRS8/6	44,0	43,0	8,7	18,9	31,7	5,0	163,1	117,2	2,5	2,1
RxS108.1.1	44,3	42,1	7,9	19,1	35,1	4,8	156,9	110,2	2,9	3,3
RxS13	47,9	44,5	22,4	17,8	52,4	4,5	158,1	117,2	2,4	3,3
RxS39	44,8	42,1	0,4	18,0	18,1	4,5	154,4	117,8	2,5	2,6
RxS45.2.2	37,6	42,2	7,2	19,4	32,0	4,4	161,9	115,2	2,5	2,3
MSL 007	37,8	45,2	1,4	18,3	17,7	4,5	148,8	118,2	2,0	1,7
Tester Syngenta	38,7	42,0	1,7	18,8	21,8	4,7	156,9	124,7	2,6	2,9
Visby	51,2	43,8	0,0	17,0	15,3	4,8	161,3	117,8	1,9	1,9
LSD (p=0,05)	4,9	0,7	2,4	0,6	3,1	0,2	6,9	1,8	1,0	0,9
Min.	33,2	40,7	0,0	17,0	15,3	4,1	145,6	110,2	1,9	1,7
Max.	51,2	46,2	23,9	21,0	58,0	5,3	175,0	124,7	4,5	3,7
MW Testhybriden	42,2	43,2	12,5	19,0	38,1	4,6	162,1	116,2	2,9	2,4
MW Standards	42,6	43,7	1,1	18,0	18,3	4,6	155,6	120,2	2,2	2,1

Tab. XVII: Leistungsprüfungen der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über neun Standorte

Genotyp	Brassica-sterol [mg/kg]	Campo-sterol [mg/kg]	Stigma-sterol [mg/kg]	Sito-sterol [mg/kg]	Avena-sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
MxB1/3.3	298,3	1182,8	10,5	1806,6	68,7	3514,0
MxFS94.3	327,9	1273,0	10,7	1922,5	75,8	3764,9
MxG39	310,9	1178,5	10,7	1820,3	63,8	3539,8
MxG50	297,1	1339,7	10,3	1926,8	74,2	3791,0
MxH149	288,0	1126,8	10,2	1699,0	70,9	3358,4
MxH165	312,9	1191,5	10,3	1788,9	70,5	3526,0
MxH176	313,0	1201,2	10,2	1779,7	74,8	3505,0
MxH44	318,7	1064,2	10,7	1718,8	64,3	3315,4
MxJ154	314,4	1157,7	11,0	1841,6	65,5	3535,4
MxJ161	311,5	1126,7	10,7	1770,8	66,0	3419,5
MxJ401	332,9	1147,2	10,8	1783,8	70,3	3513,8
MxMOL1	283,3	1191,8	10,6	1830,9	52,9	3506,3
MxMOL2	318,5	1145,8	11,1	1853,2	57,2	3535,9
MxR53	286,4	1143,1	10,1	1698,6	59,3	3339,1
MxR99	313,5	1240,9	10,4	1849,8	66,7	3626,6
MxS13	256,3	1154,6	10,0	1718,1	69,7	3384,4
MxS45.2.2	332,3	1130,3	10,7	1767,5	69,6	3460,9
MxVIL1	306,7	1158,2	10,9	1813,3	60,6	3498,4
RxB1/3.3	306,5	1166,2	10,9	1852,0	66,5	3549,3
RxG39	321,7	1230,2	11,0	1919,6	69,8	3708,7
RxG50	310,3	1348,3	10,5	1983,3	78,8	3888,6
RxH149	300,1	1135,5	10,5	1748,4	72,5	3437,2
RxH165	319,2	1184,2	10,7	1834,9	62,8	3622,1
RxH176	322,9	1194,7	10,7	1847,5	67,5	3591,9
RxH44	319,5	1097,1	10,8	1770,0	63,6	3399,1
RxINL2	322,5	1173,0	11,1	1880,9	66,3	3590,3
RxJ134	335,2	1151,4	11,0	1839,7	72,0	3533,3
RxJ161	323,4	1209,4	10,9	1885,7	67,4	3661,8
RxJ401	343,0	1166,6	11,0	1832,2	71,6	3556,5
RxJ408	294,2	1157,7	10,8	1817,8	61,7	3501,4
RxR53	283,5	1129,0	10,4	1736,2	55,3	3366,3
RxR99	316,7	1264,4	10,7	1920,7	70,8	3747,4
RxRS4/2	318,0	1222,9	10,7	1876,9	67,6	3650,1
RxRS7/6	310,9	1098,0	10,9	1781,7	58,8	3403,0
RxRS8/6	305,8	1254,0	10,6	1890,4	67,2	3672,7
RxS108.1.1	310,3	1172,1	10,8	1847,3	62,5	3570,0
RxS13	273,3	1160,0	10,4	1765,7	69,1	3439,2
RxS39	332,5	1289,6	10,9	1986,0	74,1	3866,9
RxS45.2.2	327,6	1208,0	11,0	1904,2	67,0	3681,3
MSL 007	334,8	1352,5	10,1	1917,3	85,4	3868,9
Tester Syngenta	326,8	1264,6	11,0	1949,3	65,4	3809,1
Visby	359,7	1368,5	10,7	2051,8	97,7	4080,7

Tab. XVII: Leistungsprüfungen der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für Phytosterolgehalt und –Muster, gemittelt über neun Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Brassica-sterol [mg/kg]	Campo-sterol [mg/kg]	Stigma-sterol [mg/kg]	Sito-sterol [mg/kg]	Avena-sterol [mg/kg]	Phytosterol gesamt [mg/kg]
LSD (p=0,05)	12,3	37,7	0,2	34,1	5,8	75,7
Min.	256,3	1064,2	10,0	1698,6	52,9	3315,4
Max.	359,7	1368,5	11,1	2051,8	97,7	4080,7
MW Testhybriden	310,8	1183,7	10,7	1828,5	67,0	3553,1
MW Standards	340,4	1328,5	10,6	1972,8	82,8	3919,6

Tab. XVIII: Leistungsprüfungen der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapoylverbindungen, gemittelt über neun Standorte

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g] ^a	andere SE ^b [mg/g] ^a
MxB1/3.3	2,4	7,5	7,4	1,2
MxFS94.3	3,3	6,5	7,9	1,7
MxG39	3,2	7,0	8,0	1,7
MxG50	3,4	6,8	8,1	1,8
MxH149	2,6	6,7	6,9	1,3
MxH165	3,0	7,1	7,7	1,5
MxH176	3,0	6,7	7,7	1,6
MxH44	2,3	7,4	7,3	1,3
MxJ154	2,9	7,1	7,5	1,3
MxJ161	3,2	6,4	7,5	1,6
MxJ401	3,1	6,4	7,3	1,6
MxMOL1	3,3	6,9	7,8	1,5
MxMOL2	2,2	7,3	6,8	1,0
MxR53	3,1	7,0	7,7	1,5
MxR99	2,8	6,6	7,3	1,5
MxS13	2,6	7,3	7,2	1,2
MxS45.2.2	2,8	7,6	7,8	1,4
MxVIL1	3,2	6,5	7,5	1,6
RxB1/3.3	3,3	6,9	7,8	1,5
RxG39	3,8	6,2	7,9	1,8
RxG50	4,1	6,3	8,3	1,9
RxH149	3,1	6,2	7,1	1,5
RxH165	3,5	6,3	7,8	1,6
RxH176	3,8	5,8	7,6	1,8
RxH44	3,1	6,8	7,7	1,6
RxINL2	3,6	6,7	7,9	1,7
RxJ134	3,4	6,1	7,5	1,7
RxJ161	4,1	5,8	7,8	1,8
RxJ401	3,5	6,2	7,5	1,7

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab. XVIII: Leistungsprüfungen der Testhybriden: NIRS-Ergebnisse für die Sinapylverbindungen, gemittelt über neun Standorte (Fortsetzung)

Genotyp	Sinapoylglucose [mg/g]	Sinapin [mg/g]	Sinapinsäure gesamt [mg/g]^a	andere SE^b [mg/g]^a
RxJ408	4,0	6,0	7,9	1,9
RxR53	3,6	6,3	7,7	1,6
RxR99	3,3	5,9	7,3	1,7
RxRS4/2	3,7	6,3	7,8	1,7
RxRS7/6	3,0	6,9	7,6	1,4
RxRS8/6	3,8	6,3	8,2	1,8
RxS108.1.1	3,7	6,1	7,7	1,7
RxS13	3,5	6,4	7,4	1,5
RxS39	4,1	6,0	8,2	2,0
RxS45.2.2	3,7	6,4	7,9	1,8
TesterNPZ	3,2	6,9	7,9	1,7
TesterSyngenta	3,7	5,3	7,3	1,8
Visby	4,1	6,0	8,1	2,0
LSD (p=0,05)	0,4	0,4	0,4	0,1
Min.	2,2	5,3	6,8	1,0
Max.	4,1	7,6	8,3	2,0
MW Testhybriden	3,3	6,6	7,6	1,6
MW Standards	3,6	6,0	7,7	1,8

^a berechnet als Sinapinsäureäquivalente, ^b SE = Sinapinsäureester

Tab. XIX: Ergebnisse der ANOVA für die 9-ortigen Leistungsprüfungen der Testhybriden, gezeigt sind die Varianzkomponenten und die Heritabilität der einzelnen Merkmale

	Varianzursache^a	Genotyp	Ort	GxO	h²
	Kornertrag	11,12**	37,89**	28,09	0,78
	TKG	0,08**	0,16**	0,04	0,94
	Wuchshöhe	39,45**	106,97**	49,24	0,87
	Blühbeginn	6,75**	59,62**	2,56	0,94
	Winterfestigkeit	0,21**	1,51**	1,06	0,62
	Lager	0,17**	0,29**	0,74	0,62
	ÖL	1,35**	2,37**	0,62	0,95
	C 18:3	0,14**	0,45**	0,14	0,90
	C 22:1	46,21**	9,46**	6,68	0,98
	Protein	0,47**	0,83**	0,42	0,91
	Glucosinolate	104,01**	3,74**	11,45	0,99
Phytosterole	Brassicasterol	356,28**	601,03**	156,03	0,95
	Camposterol	4915,04**	2994,01**	1468,32	0,96
	Stigmasterol	0,08**	0,12**	0,04	0,94
	Sitosterol	6408,44**	199,54**	1198,86	0,98
	Avenasterol	55,69**	40,26**	34,87	0,93
	Phytosterole gesamt	27853,73**	2887,39**	5920,97	0,97
Sinapoyle	Sinapoylglucose	0,23**	0,08**	0,12	0,94
	Sinapin	0,25**	0,16**	0,14	0,94
	andere Sinapinsäureester	0,04**	0,02**	0,02	0,94
	Sinapinsäure gesamt	0,09**	0,33**	0,19	0,80

^a GxO = Interaktion zwischen Genotyp und Ort, h² = Heritabilität; ** signifikant bei p = 0,01

Danksagung

Mein herzlicher Dank gilt Herrn Prof. Dr. Heiko Becker für die freundliche Überlassung des Themas sowie für die stets gute Betreuung und die kritische und schnelle Durchsicht meiner Manuskripte.

Herrn PD Dr. Rod Snowdon danke ich für die Übernahme des Koreferats.

Ganz besonders möchte ich mich bei Birgit Olberg für die gute Zusammenarbeit und die großartige Unterstützung bedanken. Ohne sie hätte dieses Projekt so nicht durchgeführt werden können.

Bedanken möchte ich mich auch bei Gunda Asselmeyer, Uwe Ammermann, Andreas Henn und all den Anderen die mich auf dem Feld, im Labor und im Gewächshaus so tatkräftig unterstützt haben.

Weiterhin bedanke ich mich für die hervorragende Zusammenarbeit und die Unterstützung bei allen Beteiligten der Saatzuchtunternehmen Deutsche Saatveredelung AG (Thüle), KWS Saat AG (Einbeck), Limagrain GmbH (Rosenthal), NPZ-Lembke KG (Hohenlieth) und Syngenta Seeds GmbH (Bad Salzuflen) sowie bei der GFP für die Koordination und beim BMELV für die Finanzierung des Projektes.

Bei meiner Schwester Alexandra, ihrem Mann Timo und meinem guten Freund Thorsten möchte ich mich ganz herzlich für das Korrekturlesen dieses umfangreichen Werkes bedanken.

Meinen lieben Freunden und Kollegen, die ich an dieser Stelle leider nicht alle namentlich aufzählen kann, gebührt ein besonders herzlicher Dank für fröhliche gemeinsame Stunden, interessante Ausflüge und Exkursionen und ihre Unterstützung in vielerlei Hinsicht.

Mein größter Dank gilt schließlich meiner Familie.

Lebenslauf

Persönliche Daten

Name Tobias Jesske
Geburtstag 12. April. 1979
Geburtsort Wolfenbüttel

Beruflicher Werdegang

2008 – 2011 wissenschaftlicher Mitarbeiter / Doktorand am Department für Nutzpflanzenwissenschaften (DPNW) – Abt. Pflanzenzüchtung der Georg-August-Universität Göttingen

Studium

2008 – 2011 Promotionsstudiengang Agrarwissenschaften an der Georg-August-Universität Göttingen

2006 Diplom im Studiengang Biologie
Thema der Diplomarbeit:
„Untersuchungen zur Ökologie und zur genetischen Variabilität von *Eryngium campestre*“

1999 – 2006 Studium der Biologie an der Technischen Universität Carolo-Wilhelmina zu Braunschweig

Zivildienst

1998 – 1999 Amt für Jugendarbeit der ev.-luth. Landeskirche in Braunschweig

Schulbildung

1995 – 1998 Lessinggymnasium Braunschweig
Abschluss: Abitur

1991 – 1995 Leibniz-Realschule Wolfenbüttel

1989 – 1991 Orientierungsstufe Cranachstraße/Wolfenbüttel

1985 – 1989 Grundschule Groß Denkte