Neue Genpools aus resynthetisiertem Raps (*Brassica napus* L.) für die Hybridzüchtung

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

Andreas Girke
geboren in Leeseringen

Göttingen, im Mai 2002

D7

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

2. Korreferent: Prof. Dr. Rolf Rauber

Tag der mündlichen Prüfung: 13. 05. 2002

Inhaltsverzeichnis

1 Einleitung 1

Hybridzüchtung bei Winterraps 1

Resynthesen 5

2 Material und Methoden 9

2.1 Pflanzenmaterial 9

2.2 Markeranalysen 11

2.2.1 Isolierung von Gesamt-DNA 11

2.2.2 RFLP-Analyse von Gesamt-DNA 12

2.2.2.1 Bestimmung der DNA-Konzentration und Restriktionsverdau 13

2.2.2.2 Gelelektrophorese und Southern-Transfer der restringierten DNA 13

2.2.2.3 DNA-DNA Hybridisierung 14

2.3 Feldversuche 17

2.3.1 Erstellung der Testkreuzungen 17

2.3.2 Versuchsanlage 17

2.3.3 Versuchsstandorte 19

2.3.4 Merkmalserfassung 20

2.4 Gewächshausversuch 20

2.5 Datenanalyse 20

2.5.1 Auswertung der RFLP-Daten und Bestimmung genetischer Distanzen 20

2.5.2 Statistische Auswertung der Feldversuche 21

2.5.3 Berechnung von allgemeiner und spezifischer Kombinationsfähigkeit 22

3 Ergebnisse 24

3.1 Genetische Distanzen 24

3.1.1 Polymorphismen und Bestimmung genetischer Distanzen 24

3.1.2 Clusteranalyse von 57 Rapssorten und Zuchtstämmen 26

3.1.3 Hauptkoordinaten- und Clusteranalyse von 57 Rapslinien und 44 Resynthesen ..... aus dem Testkreuzungsexperiment 28

3.1.4 Hauptkoordinaten- und Clusteranalyse von 57 Rapslinien und 142 Resynthesen 32

3.2 Agronomische Leistung 36

3.2.1 Variabilität in Ertrag und Ölgehalt 36

3.2.2 Charakterisierung der Resynthesen und der Tester 37

3.2.3 Hybridleistung und Heterosis 40

4 Diskussion 51

5 Zusammenfassung 66

6 Literatur 68

7 Anhang 75

Tabellen

Tab. 1: Übersicht über die untersuchten Rapssorten und Zuchtstämme.....10
Tab. 2: Übersicht über die durchgeführten Leistungsprüfungen.....18
Tab. 3: Eigenschaften der Versuchsstandorte 19
Tab. 4: Mittelwert, Minimum, Maximum und Standardabweichung der Distanzwerte innerhalb und zwischen den verschiedenen Formenkreisen.....24
Tab. 5: Ergebnisse der Varianzanalyse für das Merkmal Kornertrag (1999 und 2000).....36
Tab. 6: Ergebnisse der Varianzanalyse für das Merkmal Ölgehalt (1999, 4 Orte) 37
Tab. 7: Phänotypische Merkmale und Standardabweichung der Resynthesen des Testkreuzungsprogramms. (Beobachtungsanbau 1999/2000) 37
Tab. 8: Agronomische Merkmale der 44 Resynthesen, die in den Leistungsprüfungen 1999 und/oder 2000 angebaut wurden.....38
Tab. 9: Phänotypische Korrelationskoeffizienten für 44 Resynthesen der Leistungsprüfungen ...39
Tab. 10: Agronomische Eigenschaften der beiden Tester Express und Falcon.....40
Tab. 11: Vergleich der Mittelwerte für den Kornertrag der drei Teilversuche an den fünf Standorten.....40
Tab. 12: Hybridleistung und relative Heterosis von F1-Hybriden beider Testkreuzungsserien (n=100).....41
Tab. 13: Trockenmasse 6 Wochen alter Rapspflanzen (g/Pflanze).....45
Tab. 14: Beitrag der genetischen Varianz der Varianzkomponenten der Tester, Resynthesen und Tester x Resynthese zur gesamten genotypischen Varianz der Hybriden für ausgewählte Eigenschaften.....46
Tab. 15: Schätzwerte der allgemeinen Kombinationseignung für das Merkmal Samenertrag (nur positive Effekte der jeweiligen Versuchsjahre mit Werten > 0,9 %) 47
Tab. 16: Korrelation zwischen Hybridleistung (HL) oder Heterosis (Het) und dem Elternmittel (EM), und der genetischen Distanz (GD) der Eltern 48
Tab. 17: Diversitätsuntersuchungen innerhalb von B. napus.....53
Tab. 18: Einfluss der Versuchsserie auf den Samenertrag der beiden Tester.....59
Tab. 19: Adressen der Saatzuchtfirmen und Forschungsinstitute 75
Tab. 20: Übersicht über die Ausgangseltern der untersuchten Resynthesen 76
Tab. 21: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP –Analyse (Teil I) 77
Tab. 22: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil II).....78
Tab. 23: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil III) 79
Tab. 24: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil IV) 80
Tab. 25: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil V) 81
Tab. 26: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil VI) 82
Tab. 27: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil VII).....83
Tab. 28: Übersicht über die Sonde-Enzym-Kombinationen der RFLP-Analyse 84

Tab. 29: Resynthesen und Hybriden in den Leistungsprüfungen 1998 bis 2000 85

Tab. 30: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 32 Resynthesen (1998/1999) im Vergleich zu den Standards 86

Tab. 31: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 32 Resynthesen (1999/2000) im Vergleich zu den Standards 87

Tab. 32: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 36 *Express* x Resyn Hybriden (1998/1999) im Vergleich zu den Standards 88

Tab. 33: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 45 *Express* x Resyn Hybriden (1999/2000) im Vergleich zu den Standards 89

Tab. 34: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 28 *Falcon* x Resyn Hybriden (1998/1999) im Vergleich zu den Standards 90

Tab. 35: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 45 *Falcon* x Resyn Hybriden (1999/2000) im Vergleich zu den Standards 91

Tab. 36: Ergebnisse der Varianzanalyse für das Merkmal Proteingehalt (1999, 4 Orte) 92

Tab. 37: Ergebnisse der Varianzanalyse für das Merkmal Wuchshöhe (1999, 4 Orte) 92

Tab. 38: Absolute und relative Leistung von 50 Express x Resynthese Testkreuzungen 93

Tab. 39: Absolute und relative Leistung von 50 Express x Resynthese Testkreuzungen 94

Tab. 40: Absolute und relative Leistung von 50 Falcon x Resynthese Testkreuzungen 95

Tab. 41: Tab. 12d: Absolute und relative Leistung von 50 Falconx Resynthese Testkreuzungen .. 96

Tab. 42: Mittlere Abweichungsquadrate und Varianzkomponenten der Analyse der Kombinationseignung von F_1-Hybriden für das Merkmal Samenertrag 97

Abbildungen

Abb. 1: Relative Häufigkeit der geschätzten Distanzen innerhalb von Winterraps, zwischen Winterraps und den 44 Resynthesen des Kreuzungsversuchs (Re44) und innerhalb des gesamten Resynthesesortiments (Re142) 25

Abb. 2: Genetische Distanzen (GD) der 44 Resynthesen des Kreuzungsversuchs zu den Testern MSL 004 (Falcon) und MSL 007 (Express) 26

Abb. 3: Dendrogramm der Distanzbeziehungen zwischen 57 Rapslinien (Erklärung siehe Text) 27

Abb. 4: Hauptkoordinatenanalyse der 57 Rapslinien und den 44 Resynthesen des Kreuzungsversuchs 29

Abb. 5: Dendrogramm der Distanzbeziehungen zwischen 57 Rapslinien und den 44 Resynthesen des Kreuzungsversuchs 31

Abb. 6: Hauptkoordinatenanalyse von 57 Rapslinien und 142 Resynthesen 32

Abb. 7: Dendrogramm von 57 Rapslinien und 142 Resynthesen 34

Abb. 8: Korrelation der Relativerträge beider Testkreuzungsserien (n = 100, 100% = Mittel der Standards) 42

Abb. 9: Hybridertrag, Elternmittel und Heterosis von 44 Express x Resynthese Testkreuzungen (100% = Mittel d. Stds.) 43

Abb. 10: Hybridertrag, Elternmittel und Heterosis von 44 Falcon x Resynthese Testkreuzungen (100% = Mittel d. Stds.) 44

Abb. 11: Beziehung zwischen dem Ertrag der Hybriden und der genetischen Distanz (GD) (n=88) 49

Abb. 12: Beziehung zwischen der Heterosis für den Ertrag und der genetischen Distanz (GD) (n=76) 49

Abb. 13: Beziehung zwischen dem Samenertrag der Hybriden und dem nach multipler linearer Regression der allgemeinen Kombinationseignung (GCA) und der genetschen Distanz (GD) vorhergesagtem Hybridertrag 50

1 Einleitung

Hybridzüchtung bei Winterraps

Nach Kreuzung zweier genetisch unterschiedlicher, homozygoter Genotypen zeichnet sich die Hybride gegenüber ihren Eltern durch eine grössere Wüchsigkeit und eine Ertragssteigerung aus. Dieses genetische Phänomen wurde bereits 1908 von SHULL beobachtet und später (1922) von ihm mit dem Begriff "Heterosis" beschrieben. Obwohl die Heterosis mit Ausnahme der Linienzüchtung in allen Züchtungskategorien genutzt wird (SCHNELL 1982), kann die maximale Heterosiswirkung nur in Klon- und Hybridsorten ausgeschöpft werden. Voraussetzung für das Auftreten von Heterosis ist eine dominante Vererbung günstiger Allele und die Existenz der jeweils günstigen Allele für unterschiedliche Gene in den Ausgangseltern. Die Hybride zeichnet sich durch Kombination aller positiven Allele, die in einem der Eltern auftreten, aus. Eine zusammenfassende Darstellung der genetischen Grundlagen der Heterosis unter Berücksichtigung von Überdominanz und epistatischer Effekte geben CROW (1999) und GOODNIGHT (1999).

Grundlage für eine optimale Ausnutzung der Heterosis in der Hybridzüchtung bildet daher die Identifizierung oder Entwicklung genetisch unterschiedlicher Genpools, die dadurch charakterisiert sind, dass Kreuzungen zwischen diesen Gruppen (inter-pool) eine höhere Heterosis bewirken, als Kreuzungen innerhalb der Gruppen (intra-pool). Inter-pool Hybriden verzeichnen eine grössere Heterozygotie und daraus resultierend eine Ertragssteigerung (Heterosis) im Vergleich zu ihren Eltern (MELCHINGER und GUMBER 1998, BECKER und LINK 2000). Zur effektiven Produktion von Hybridsaatgut ist zusätzlich zur Identifikation heterotischer Gruppen (Genpools) ein Verfahren zur Herstellung gezielter Kreuzungen erforderlich. Bei Verfügbarkeit eines stabilen Sterilitätssystems wie CMS (cytoplasmatisch induzierte männliche Sterilität) wird in die Elternlinien des einen Formenkreises die CMS-Eigenschaft eingekreuzt, wogegen die selektierten Kreuzungspartner des komplementären Genpools die Gene für die Restauration der Pollenfertilität enthalten müssen. Liegen keine Informationen über deutlich getrennte Genpools vor, sind zur Identifizierung gut kombinierender Eltern umfangreiche Testkreuzungsprogramme mit mehrortigen Leistungsprüfungen notwendig. Auch bei Raps ist seit langem bekannt, daß Hybriden sehr viel leistungsfähiger als Linien sind (SCHUSTER und MICHAEL 1976, LEFORT-BUSON et al. 1987, LÉON UND BECKER 1995). Rapshybriden zeigen aber nicht nur in der Leistungsfähigkeit, sondern auch in der Ertragssicherheit große Vorteile (BRANDLE und MC

VETTY 1989, LÉON 1991). Daher wurde seit annähernd 20 Jahren intensiv daran gearbeitet, bei Raps stabile Hybridsysteme zu entwickeln. Das natürliche Befruchtungssystem von Raps ist eine Mischung aus Selbst- und Fremdbefruchtung mit einem Selbstbefruchtungsanteil von 30 bis zu 90% (BECKER 1987, BECKER et al. 1992). Die Züchtung von Hybridsorten setzt zur vollständigen Nutzung der Heterosis einerseits die Verhinderung von Selbstbefruchtung, andererseits die Vermeidung unerwünschter Fremdbebefruchtung der mütterlichen Hybridkomponente voraus. Bei Winterraps sind in Europa zur Zeit zwei Hybridsierungssysteme in der praktischen Pflanzenzüchtung von Bedeutung.

Das Ogura/INRA cms-System wurde durch Protoplastenfusion zwischen Raps und Ölrettich entwickelt (RENARD et al.1997). Hier erschwerte die enge Kopplung des Restorergens *Rfo* aus *Raphanus* mit einem Gen für hohe Glucosinolatgehalt die Entwicklung von F1-Hybriden in 00-Qualität. Aus diesem Grund wurden mit diesem Hybridsystem zunächst nicht-restaurierte, männlich sterile F1-Hybriden entwickelt und mit einem 20%igen Zusatz einer Bestäubersorte als sogenannte "Verbund-Sorten"auf den Markt gebracht. Dieser Sortentyp setzt allerdings eine optimale Bestäubung der sterilen Linien voraus. Die klimatischen Bedingungen während der Blüte führten jedoch nicht immer zu einer ausreichenden Pollenverbreitung im Bestand, so dass sich diese Sorten in Deutschland nicht in der Praxis etablieren konnten. In Frankreich und England hat sich dieser Sortentyp aufgrund günstigerer Umweltbedingungen während der Rapsblüte dagegen im Anbau bewährt. In den letzten Jahren gelang jedoch die Entwicklung von Restorerlinien mit einem reduzierten Glucosinolatgehalt (DELOURME et al. 1999), so dass auch mit diesem System die Entwicklung restaurierter Hybridsorten möglich ist.

Das MSL-System ("Männliche Sterilität Lembke"), geht auf spontane Mutationen und Selektionen im Zuchtgarten zurück (PAULMANN und FRAUEN 1998). Hybriden, die auf diesem Sterilitätssystem beruhen, sind gekennzeichnet durch eine sehr gute Restauration und niedrige Glucosinolatgehalte. Die für die Saatguterzeugung erforderliche männliche Sterilität ist unter vielen Umweltbedingungen als stabil und gut zu bezeichnen, der Zuchtfortschritt auf der Mutterseite ist allerdings vergleichsweise arbeitsaufwendig. Das MSL-Hybridsystem ist bei Winterraps in Europa das zur Zeit im Markt führende Hybridsystem. In Deutschland sind die ersten restaurierten MSL-Hybridsorten 1996 zugelassen worden (FRAUEN und BAER 1996) und verzeichnen seitdem eine zunehmende Anbaubedeutung, da sie einen Mehrertrag von etwa 12 %, verglichen mit den führenden konventionellen Sorten, realisieren (ANONYMUS 2001). Zur Ernte 2002 nehmen Hybridsorten mit 485 000 ha ca. 40% der deutschen Winterrapsfläche

ein (FRAUEN et al. 2001). Sowohl die Gewinnung maximaler Heterosiseffekte als auch eine langfristig erfolgreiche Hybridzüchtung setzten voraus, daß genetisch möglichst unterschiedliche Eltern miteinander kombiniert werden. Zur Erfassung der genetischen Diversität und zur Einteilung des Rapszuchtmaterials in heterotische Gruppen (Genpools) können Informationen über die Herkunft und Abstammung der Linien sowie phäno- und genotypische Unterschiede verwertet werden.

Für den Raps zeigen z.B. die Ergebnisse von GRANT und BEVERSDORF (1985), dass die geographische Herkunft der Linien als ein Indikator für die genetische Verschiedenheit angesehen werden kann. Da als Entstehungszentrum dieser Art Europa angenommen wird und auch hier die Züchtung von Winter- und Sommerformen ihren Ursprung hatte (BAUR 1944), gehen alle Herkünfte letztlich auf europäisches Material zurück (RÖBBELEN 1985). Für den nordamerikanischen Sommerraps ist die europäische Herkunft des Materials belegt (DOWNEY et al. 1975) und der erfolgreiche Sommerrapsanbau in Australien beruht wiederum auf der züchterischen Bearbeitung von kanadischen Sorten und Zuchtstämmen (SERNYK 1999). Auch die Einführung europäischer Winterrapssorten in Cina und Japan zu Beginn des 20. Jahrhunderts (BECKER et al. 1999) ist ein Hinweis darauf, dass die geographische Herkunft alleine kein hinreichendes Kriterium für genetische Unterschiede zwischen einzelnen Linien darstellt. Ergänzend können Abstammungsdaten der Sorten zur Charakterisierung der genetischen Variation in Verwandtschaftsgrade umgerechnet werden (MALECOT 1948). Doch belegen die Ergebnisse von KNAAK (1996), dass diese Methode für Winterraps nur begrenzte Aussagen zur Struktur des Zuchtmaterials gestattet. Auch Unterschiede in der Ausprägung morphologischer Merkmale können systematisch erfasst und in ein Distanzmass übertragen werden. Doch eingeschränkte Zahl sicher unterscheidbarer Merkmale, ihre umweltbedingte Variation und die Tatsache, dass sie vielfach erst in der adulten Pflanze nachweisbar sind, führte zur Entwicklung alternativer Markertypen.

Mittels biochemischer und molekulargenetischer Methoden können Erkenntnisse über die Variation innerhalb einer Kulturart unabhängig vom Entwicklungsstadium der Pflanze gewonnen werden. So wurden Isoenzymanalysen wiederholt zur Identifizierung von Genotypen im Rahmen der Sortenzulassung an Brassica-Arten eingesetzt (MÜNDGES et al. 1990), doch die begrenzte Anzahl von Isoenzymsystemen und der geringe Polymorphiegrad in Raps (BECKER et al. 1995) und anderen Kulturpflanzenarten (SMITH und SMITH 1992) schränken ihren Einsatz zur Bestimmung genetischer Distanzen ein. Molekulare Markertechniken erfassen

Unterschiede zwischen Arten, Sorten und Individuen direkt auf DNA-Ebene und zwar umweltunabhängig in jedem Entwicklungsstadium der entsrechenden Art. BECKMANN und SOLLER (1983) schlugen die Verwendung der von BOTSTEIN et al. (1980) beschriebenen Methode des Restriktions-Fragment-Längen-Polymorphismus (RFLP) zur Schätzung genetischer Distanzen vor. RFLP-Marker sind für viele Kulturarten entwickelt worden und wurden innerhalb der Brassicaceae wiederholt für die Erstellung genetischer Kopplungskarten (LANDRY et al. 1991, UZUNOVA et al. 1995) oder für phylogenetische Untersuchungen (SONG und OSBORN 1992, SONG et al. 1993) eingesetzt. Innerhalb des Rapszuchtmaterial wurden RFLP-Analysen zur Sortenidentifizierung und –zulassung (LEE et al. 1996) sowie zur Kartierung züchterisch relevanter Gene (UZUNOVA et al. 1995) durchgeführt.

Eine erste Abschätzung der Diversität, basierend auf RFLP-Daten, innerhalb der *Brassicae* erlaubte SONG und OSBORN (1992) eine klare Unterteilung verschiedener *Brassica napus* Genotypen in Winter- und Sommerformen. Diese Ergebnisse konnten von DIERS und OSBORN (1994) an einem umfangreichen Material von 85, weltweit verbreiteten, Rapssorten bestätigt werden. Weiterhin konnten innerhalb der beiden Formenkreise identifizierte Gruppen anhand von Abstammungsdaten der entsprechenden Linien bestätigt werden. Zusätzlich konnten BECKER et al. (1995) mittels clusteranalytischer Verrechnung von RFLP-Daten einen dritten Formenkreis aus chinesischen und japanischen Linien gegen Winter- und Sommerraps abgrenzen. Die innerhalb des Winterrapsmaterials beobachteten genetischen Distanzen sind im Vergleich zu anderen Kulturarten allerdings relativ niedrig. So belegen die genetischen Distanzen zwischen europäischen Hartmaislinien (BOPPENMAIER et al. 1993) als auch zwischen europäischen Ackerbohnensorten des Minor-Typs (LINK et al. 1995) eine grössere genetische Variabilität innerhalb dieser Formenkreise im Vergleich zu Winterraps. Jedoch konnte KNAAK (1996) mehrere genetisch divergente Gruppen innerhalb von aktuellem europäischen Winterraps-Zuchtmaterial identifizieren.

Zur Überprüfung der mit RFLP-Daten identifizierten Gruppierungen innerhalb eines Formenkreises wurden wiederholt Kreuzungsexperimente durchgeführt. Wie Untersuchungen von DIERS et al. (1996) für Sommerraps und von KNAAK (1996) für Winterrapshybriden zeigten, führten Kreuzungen zwischen weniger verwandten Linien in der Regel zu höherer Heterosis als Kreuzungen zwischen genetisch ähnlichen Linien. Hybriden, die aus Kreuzungen von Linien aus verschiedenen Formenkreisen hervorgingen erzielten wiederum noch höhere Erträge als Hybriden aus Linien des gleichen Formenkreises. In einem Vergleich von Hybriden, die aus europäischen Linien hervorgingen, mit Hybriden aus Kreuzungen zwischen

europäischen und asiatischen Linien (LEFORT-BUSON et al. 1987) erzielten die inter-pool Hybriden eine höhere Heterosis und Hybridleistung. Hybriden aus Kreuzungen zwischen Sommer- und Winterraps erwiesen sich aufgrund eines verzögerten Blühbeginns für nordamerikanische Klimaverhältnisse als ungeeignet (SERNYK und STEFANSSON 1983). Erst die markergestützte Einkreuzung von Winterrapseigenschaften in Sommerraps führte zu Testhybriden mit Beteiligung beider Formenkreise (BUTRUILLE et al. 1999). Doppelt-haploide Linien (DH-Linien) aus dieser Kreuzung mit geringem Vernalisationsbedarf und hohem Anteil des Winterrapsgenoms wurden als Eltern für Testkreuzungen mit konventionellen Sommerrapssorten ausgewählt. Auch hier zeigte sich die Ertragsüberlegenheit der inter-pool Hybriden gegenüber reinen Sommerrapshybriden. Für die Entwicklung von Winterrapshybriden sind Sommerrapsformen und asiatische Herkünfte hingegen weniger geeignet, da sie nicht an die herrschenden klimatischen Verhältnisse in Europa angepasst sind.

Als mögliches Ausgangsmaterial für einen Genpool mit grossen genetischen Distanzen zu Winterraps empfahlen BECKER et al. (1995) die Verwendung von "resynthetisierten" Rapsformen, die sich nach ersten Ergebnissen zur genetischen Distanz von BECKER et al. (1995) eindeutig sowohl von Winter- als auch von Sommerraps unterscheiden.

Resynthesen

Dass Raps (*Brassica napus* L.) als Produkt einer Kreuzung zwischen Kohl und Rübsen angesehen werden kann, erkannte bereits METZGER (1833) nach Vergleich morphologischer Merkmale der kultivierten *Brassica* – Arten. MORINAGA (1934) vermutete nach interspezifischen Hybridisierungen und anschliessender cytogenetischer Analyse die amphidiploide Struktur der Genome von *B. carinata* Braun (BBCC, 2n=34), *B. juncea* (L.) Czern. (AABB, 2n=36) und *B. napus* L. (AACC, 2n=38) und ihre Entstehung durch Kombination der diploiden Genome von *B. nigra* (L.) Koch (BB, 2n=16), *B. oleracea* L. (CC, 2n=18) und *B. rapa* L. (AA, 2n=20). Mit der erfolgreichen Synthese von Raps aus Kreuzungen zwischen Kohl und Rübsen gelang U (1935) der Beweis dieser verwandtschaftlichen Beziehungen innerhalb der Gattung *Brassica*.

Die Nutzung der diploiden Ausgangsformen *B. rapa* und *B. oleracea* ist durch schriftliche Quellen und prähistorische Funde seit vorchristlicher Zeit belegt. (Übersicht bei GÓMEZ-

CAMPO und PRAKASH 1999, KÖRBER-GROHNE 1994). Erste Hinweise auf den Anbau von Raps zur Ölgewinnung finden sich dagegen erst in Quellen des 16.Jahrhunderts aus den Niederlanden (TOXOPEUS 1979) und auch die ältesten, als *B. napus* identifizierbaren, Samenfunde entstammen dieser Zeit (KROLL 1994). Nach SCHRÖDER-LEMBKE (1976) gibt es bereits Aufzeichnungen aus dem 14. Jahrhundert, welche den Anbau von „raepsaet“ zur Ölgewinnung für Westdeutschland und die Niederlande belegen. Doch kann daraus nicht auf einen Rapsanbau geschlossen werden, da sprachlich nicht zwischen Raps und Rübsen unterschieden wurde. Die Entstehung der Art durch spontane Hybridisierung zwischen Rübsen und Kohl kann daher im späten Mittelalter im nordwestlichen Europa stattgefunden haben, wo aufgrund des Ölrübsenanbaus und der gleichzeitigen Kultivierung verschiedener Kohlformen beide Arten intensiv genutzt wurden. Als weiteres Entstehungszentrum wird auch das Mittelmeergebiet angesehen, wo bereits im Altertum mit "napus" und "rapa" bezeichnete Rüben und auch verschiedene Kohlformen ("caulis", "brassica") angebaut wurden (KÖRBER-GROHNE 1994).

Zur Erweiterung der genetischen Diversität wird seit langem die Verwendung von "resynthetisiertem" Raps (kurz "Resynthesen") vorgeschlagen, also die Neuherstellung von Raps aus den beiden diploiden Elternarten Rübsen (*B.rapa* L.) und Kohl (*B. oleracea* L.). Aufbauend auf den Ergebnissen von MORINAGA und U wurde vor allem in Deutschland (RUDORF 1950, KOCH und PETERS 1952, HOFFMANN und PETERS 1958) und Schweden (OLSSON 1960) sowohl wissenschaftlich als auch züchterisch mit Resynthesen gearbeitet, um die bereits damals vermutete schmale genetische Basis des Körnerraps zu verbreitern. So wurden in Schweden die Sorten *Panter* (1968) und *Norde* (1969) aus Kreuzungen mit resynthetisiertem Raps entwickelt (OLSSON 1986). In Deutschland hatte die semisynthetische Sorte *Rapol* (1961) als Kreuzungselter eine gewisse Bedeutung für die Linienzüchtung (BECKER et al. 1999). Mit dem Beginn einer intensiven Qualitätszüchtung nahm das Interesse an Resynthesen ab, da die Überführung der Doppelnull-Qualität in angepaßtes Zuchtmaterial und die damit verbundenen Probleme die Forschungskapazitäten weitgehend in Anspruch nahmen. Resynthesen wurden aber mit geringer Intensität weiterbearbeitet als mögliches Genreservoir für interessante neue Eigenschaften. Unter anderem wurden in Resynthesen Gene für die Zusammensetzung der Glucosinolate (GLAND 1982, 1985), hohen Erucasäuregehalt (LÜHS et al. 1998, LU et al. 2001), Blühbeginn (SCHRANZ und OSBORN 2000), Frühreife (AKBAR 1989a, 1989b), Gelbsamigkeit (SCHWEDTKA 1981, SHIRZADEGAN und RÖBBELEN 1985, SHIRZADEGAN 1986, CHEN und HENEEN 1989), Virusresistenz (GRAICHEN und

PETERKA 1994) sowie Resistenz gegen *Phoma* (CROUCH et al. 1994) und *Plasmodiophora* (DIEDERICHSEN und SACRISTAN 1996) gefunden. In der praktischen Züchtung werden Resynthesen bisher jedoch nur sehr begrenzt eingesetzt, da sie für die meisten agronomischen Eigenschaften unbefriedigende Leistungen zeigen. Untersuchungen von AHMADI (1988) und ENGQVIST und BECKER (1994a) ergaben einen reduzierten Samenertrag von 20 – 30 % im Vergleich zu Standardsorten. Selbst wenn Resynthesen in ihrer Eigenleistung nicht voll befriedigen, können sie aber als Partner für Hybridsorten interessant sein, wenn sie in Kombination mit hochleistungsfähigem Zuchtmaterial auf Grund ihrer genetischen Diversität zu einer hohen Hybridleistung führen. In Testkreuzungen zwischen Resynthesen und Liniensorten konnten KRÄHLING (1987) und GIRKE et al. (1999) das agronomische Potential von Resynthesen für die Hybridrapsproduktion aufzeigen. Trotz dieser Hinweise sind die Möglichkeiten zum Einsatz von Resynthesen in der heutigen Rapszüchtung unzureichend bekannt. Daher wurden an einem sehr umfangreichen Resynthese – Sortiment die folgenden Fragestellungen untersucht:

(i) Können Resynthesen die vorhandene Variabilität von Körnerraps wesentlich erweitern?
In die Untersuchungen zur Genetischen Distanz innerhalb von B. napus wurden bisher nur wenige resynthetisierte Rapsformen einbezogen. Anhand eines umfangreichen Sortiments von Resynthesen sollte daher die genetische Variation innerhalb der Resynthesen im Vergleich zu Winter- und Sommerrapssorten ermittelt werden. Mit Hilfe von selektierten RFLP Markern sollte zudem untersucht werden, ob sich die Resynthesen als genetisch divergente Gruppe von den bisher bekannten Genpools, Winter- und Sommerraps, abgrenzen lassen.

(ii) Welches agronomische Potential haben Hybriden zwischen Resythesen und angepaßtem Zuchtmaterial?
Da Resynthesen züchterisch bislang nicht bearbeitet wurden und sie daher für viele agronomische Eigenschaften negative Allele aufweisen, stellt sich die Frage, ob solches Material überhaupt ein denkbarer Ausgangspunkt für einen neuen Genpool sein kann. Um dies zu überprüfen wurden Testkreuzungen zwischen zwei angepassten Winterrapssorten und einer Auswahl von Resynthesen hergestellt und mehrjährig und mehrortig in Feldversuchen geprüft.

(iii) Gibt es eine Beziehung zwischen genetischer Distanz und Heterosis in Kreuzungen mit Resynthesen?

Die geschätzten genetischen Distanzen der Kreuzungseltern wurden den errechneten Heterosiswerten für verschiedene Merkmale der Hybriden gegenübergestellt. Aus diesen Ergebnissen sollte auf die Möglichkeit einer Vorhersage der Heterosis aus Markerdaten geschlossen werden.

2 Material und Methoden

2.1 Pflanzenmaterial

Es wurden insgesamt 142 Resynthesen des Göttinger Instituts, der FU Berlin sowie der Firma Svalöf AB auf ihre genetische Distanz zu Zuchtmaterial untersucht. Diese Linien gehen auf Kreuzungen zwischen verschiedenen *B. oleracea* Varietäten und sehr unterschiedlichen *B. rapa* – Subspecies zurück. Einen Überblick über die diploiden Elternformen der untersuchten Resynthesen gibt Tabelle 20 im Anhang dieser Arbeit. Eine Übersicht über Herkunft und Pedigree der in der Markeranalyse eingesetzten Resynthese-Genotypen erfolgt in Tabellen 21 bis 27 des Anhangs.

Zum Vergleich wurden neben 32 Winter- und 13 Sommerrapsformen eines weltweiten Sortiments auch 12 chinesische Rapsgenotypen in die Analysen einbezogen (Tab. 1). Das Winterrapssortiment enthielt neben jüngeren Sorten und Zuchtstämmen in 00-Qualität auch glucosinolathaltige Linien (0+), die, wie *Jet Neuf* oder *Bienvenue*, wiederholt als Kreuzungseltern in die Qualitätsrapszüchtung eingingen. Mit *Gorczanski* und *Mansholts Hamburger Raps* wurden auch ältere Populationssorten berücksichtigt, welche Erucasäure und Glucosinolate enthalten (++-Qualität). Sie repräsentieren einerseits den atlantischen Wuchstyp (*Mansholts*) als auch den an kontinentales Klima angepassten Sortentyp (*Gorczanski*). Als Futterraps wurde die Sorte *Emerald65* dem Sortiment eingegliedert. Das Spektrum der Sommerrapssorten umfasst europäische, kanadische und australische Linien und Zuchtstämme. Die mit *Roy1*, *-8*, und *–12* bezeichneten Sommerrapse gehen auf eine Mutante aus der kanadischen Sorte *Oro* zurück, sie wurden von Dr. N. N. Roy (Perth, Australien) dem Göttinger Institut zur Verfügung gestellt. *G-522* steht für eine chinesische Linie des Göttinger Sortiments.

Für die Testkreuzungen zur Ermittlung der Heterosis wurden 50 Resynthesen nach zweijährigem Beobachtungsanbau in den Jahren 1995 bis 1997 ausgewählt. Abstammung, Herkunft und Bezeichnung in der Markeranalyse dieser Resynthesen geht aus Tabelle 21 und 22 hervor.

Als Tester wurden männlich sterile Versionen der Sorten *Falcon* (MSL004) und *Express* (MSL007) von der NPZ zur Verfügung gestellt. Das eingesetzte MSL-Sterilitätssystem weist die Eigenschaft auf, dass fast alle Genotypen die Pollenfertilität der Hybride restaurieren und so eine Vorselektion der Resynthesen hinsichtlich ihrer Restorereigenschaft nicht erforderlich war.

Kriterien für die Auswahl der Resynthesen waren ihre agronomische Leistungsfähigkeit und ein nicht zu stark von den MSL-Testern abweichender Blühtermin.

Tab. 1: Übersicht über die untersuchten Rapssorten und Zuchtstämme

Name	Form[1]	Qualität	Züchter[2]	Land	1. Zulassung
Bristol	W	00	Cargill	Frankreich	1991
Idol	W	00	Cargill	Frankreich	1990
Vivol	W	00	Cargill	Frankreich	1992
Apache	W	00	CPB	Grossbritannien	1991
Inca	W	00	CPB	Grossbritannien	1991
Emerald65	W	++	DA	Irland	1973
Liberator	W	00	DSV	Deutschland	1989
Gorczanski	W	++	IHAR	Polen	1945
Bienvenu	W	0+	INRA/Serasem	Frankreich	1982
Jet Neuf	W	0+	INRA/Serasem	Frankreich	1977
Mansholts	W	++	Mansholt	Niederlande	1899
Synra	W	++	NPZ	Deutschland	1975
Accord	W	00	NPZ	Deutschland	1990
Express	W	00	NPZ	Deutschland	1993
MSL007 C	W	00	NPZ	Deutschland	
Falcon	W	00	NPZ	Deutschland	1989
MSL004 C	W	00	NPZ	Deutschland	
Wotan	W	00	NPZ	Deutschland	1991
Zeus	W	00	NPZ	Deutschland	1991
Samourai	W	00	Serasem	Frankreich	1991
Teko	W	0+	SW	Schweden	1982
Apex	W	00	SYN	Deutschland	1992
DF-2	W	00	IAP	Ukraine	
AM-14	W	00	IAP	Ukraine	
VDH-1282	W	00	IAP	Ukraine	
VDH-1011	W	00	IAP	Ukraine	
VDH-1201	W	00	IAP	Ukraine	
VDH-1310	W	00	IAP	Ukraine	
PHP-162/37	W	00	IAP	Ukraine	
VDH-1060	W	00	IAP	Ukraine	
Ivanna	W	0+	IAP	Ukraine	1990
Tysmenetski	W	0+	IAP	Ukraine	1989
Italy	C	++	HAU	China	
87-50182	C	++	WIAS	China	
Xiangyou 11	C	00	HAAS	China	
Zhenyou11	C	++	ZAU	China	
Hu You2	C	++	SAAS	China	
Linyou5	C	++	JAAS	China	
Gö-522	C	++		China	
Hua-you	C	++	HAU	China	
Sheng Li Qing Geng	C	++	SAAS	China	1963
Ganyu 3	C	++	HAU	China	1977
Ganyu 4	C	++	HAU	China	1977
Guiyou3	C	++	ZAU	China	

[1] W=Winterraps, C=Chinesische Sorten, S=Sommerraps, [2] erläutert in Tab.19 des Anhangs

Tab. 1: Übersicht über die untersuchten Rapssorten in der RFLP-Analyse (Fortsetzung)

Name	Form[1]	Qualität	Züchter[2]	Land	Zulassung
Altex	S	00	U of Alberta	Kanada	1980
Apollo	S	00	U of Manitoba	Kanada	1992
Regent	S	00	U of Manitoba	Kanada	1978
Oro	S	0+	Ag Cda	Kanada	1968
DI-820	S	00	Ag Cda	Kanada	
Roy 1	S	0+	WADA	Australien	
Roy 8	S	0+	WADA	Australien	
Roy 12	S	0+	WADA	Australien	
Barossa	S	00	NSWDA	Australien	1990
Shiralee	S	00	NSWDA	Australien	1988
Iris	S	00	Pajbj	Dänemark	1989
Sponsor	S	00	SW	Schweden	1992
Tanto	S	00	INRA/Serasem	Frankreich	1990

[1] W=Winterraps, C=Chinesische Sorten, S=Sommerraps, [2] erläutert in Tab.19 des Anhangs

2.2 Markeranalysen

2.2.1 Isolierung von Gesamt-DNA

Die 199 Sorten, Zuchtstämme und Resynthesen wurden im Gewächshaus angezogen. Je Genotyp wurde eine Blattmaterialmischprobe (10g) von 10 Pflanzen für die RFLP-Analyse genommen.

Zur Gewinnung ausreichender Mengen DNA wurde das nach ROGERS und BENDICH (1988) modifizierte Extraktionsverfahren angewendet, welches sich nach UZUNOVA (1994) für Raps als sehr gut geeignet erwiesen hat.

Verwendete Lösungen:

CTAB-Puffer (2x) 100 mM Tris-HCl, pH 8,0
20 mM EDTA
1,4 M NaCl
1 % PVP 40000
2 % CTAB

CTAB-Lösung (10%)	10 %	CTAB
	0,7 M	NaCl
CTAB-Präzipitationspuffer:	50 mM	Tris-HCl, pH 8,0
	10 mM	EDTA
	1 %	CTAB
High Salt TE-Puffer:	10 mM	Tris-HCL. pH 8,0
	1 mM	EDTA
	1 M	NaCl
TE-Puffer (1x)	10 mM	Tris-HCL. pH 8,0
	1 mM	EDTA

10 g frische oder gefrorene Rapsblätter wurden mit flüssigem Stickstoff zu Pulver zermahlen, in einen 250 ml Erlenmeyerkolben überführt und in 10 ml 65 °C warmen 2x CTAB-Puffer aufgenommen. Unter Zugabe von 100 µl Proteinase K (10mg/ml) wurde der Ansatz für 30 min unter leichtem Schütteln im Wasserbad bei 65 °C inkubiert. Anschliessend erfolgte eine Extraktion mit einem Volumen Chloroform/Isoamylalkohol (24:1) in 50 ml Zentifugenröhrchen. Nach Zentrifugation bei 4°C für 10 min und 12000 UpM (Sigma Zentrifuge 4K 10, Rotor Nr. 12166) wurde die wässrige Phase in ein neues Röhrchen überführt, mit 1/10 Volumen 10 % CTAB-Lösung versetzt, erneut mit einem Volumen Chloroform/Isoamylalkohol (24:1) extrahiert und wie zuvor zentrifugiert. Wieder wurde die wässrige Phase in ein neues Zentifugenröhrchen überführt und mit einem Volumen 65 °C warmen CTAB-Präzipitationspuffer versetzt. Zur Unterstützung der CTAB-DNA-Komplexbildung wurde der Ansatz für 10 min bei 65 °C im Wasserbad inkubiert. Der gebildete CTAB-DNA-Komplex wurde bei 20 °C und 12000 UpM präzipitiert. Das gewonnene Pellet wurde in 2 ml High Salt TE-Puffer aufgenommen und bei 65 °C für 1 h im Wasserbad gelöst. Die DNA-Lösung wurde in 2 ml Eppendorfgefässe überführt, mit 2 Volumen kaltem 96 % Ethanol für 10 – 16 h bei –20 °C gefällt. Die gefällte DNA wurde für 15 min bei 12000 UpM abzentrifugiert, mit 70 % Ethanol (-20 °C) gewaschen und erneut für 15 min bei 12000 UpM zentrifugiert. Das Pellet wurde im Exiskator getrocknet, in 1 ml TE-Puffer aufgenommen und zum vollständigen Lösen der DNA einige Tage bei 4 °C gelagert.

2.2.2 RFLP-Analyse von Gesamt-DNA

Genomische Raps DNA wurde mit den Restriktionsenzymen EcoRI und HindIII (Pharmacia Biotech) verdaut, elektrophoretisch aufgetrennt, auf eine Nylonmembran transferiert

(SOUTHERN 1975) und gegen radioaktiv markierte DNA-Sonden hybridisiert. Die Untersuchung folgte den von UZUNOVA (1994) ausführlich beschriebenen Protokollen.

2.2.2.1 Bestimmung der DNA-Konzentration und Resriktionsverdau

Zur genauen Zusammenstellung der Restriktionsansätze wurde die Konzentration der extrahierten Raps-Gesamt-DNA fluorometrisch bestimmt. Verdünnungen der DNA-Proben mit dem Fluorochrom bis- Benzimidazol (Hoechst 33258, 20 µg/ml) wurden mit einem Fluorometer der Firma Hoefer (San Francisco, USA) analysiert. Nach Anregung bei einer Wellenlänge von 360 nm, wurde die Fluoreszenz des entstandenen bis-Benzimidazol-DNA-Komplexes bei einer Wellenlänge von 460 nm gemessen und mit einem DNA-Konzentrationsstandard verglichen. Auf Grund der hohen spezifischen Affinität des Fluorochroms zur DNA haben RNA- und Protein-Verunreinigungen keine Auswirkung auf die Genauigkeit der Messung.

Für den enzymatischen Verdau der Gesamt-DNA wurden die Restriktionsenzyme EcoRI und HindIII (Pharmacia Biotech) ausgewählt. Pro µg DNA wurden 4U EcoRI bzw. 3U HindIII eingesetzt. Die Konzentration des Verdauungspuffers (One-Phor-All-Puffer, Pharmacia) wurde, den empfohlenen Konzentrationen entsprechend, enzymspezifisch eingestellt (1 x für HindIII und 2 x für EcoRI). Die Reaktionen erfolgten über Nacht bei 37°C im Wärmeschrank. Anschliessend wurden die Restriktionsansätze durch Zugabe von 10µg/ml Rnase A von RNA befreit. Die Restriktionsenzyme und die Rnase A wurden durch eine anschliessende Extraktion mit Chloroform/Isoamylalkohol- (24:1) aus den Reaktionsansätzen entfernt.

2.2.2.2 Gelelektrophorese und Southern-Transfer der restringierten DNA

Von jedem Raps-Genotyp wurden 4 µg restringierte genomische DNA (Kap. 2.1.2) elektrophoretisch in einem 0,8 % TAE-Agarosegel (400 ml TAE) aufgetrennt. Pro Gel (20 x 30 x 0,7cm) wurden 2 Kämme mit je 40 Zähnen gesetzt, so dass in jedem Gel zwei Trennstrecken à 15 cm entstanden. Auf diese Weise konnten pro Gel 78 DNA-Proben und zwei DNA-Längenmarker aufgetrennt werden. Die Proben hatten ein Volumen von 30 µl, mit einem Farbmarkeranteil von 20 %. In die ersten Spuren wurden jeweils 100 ng EcoRI- und HindIII-verdaute λ-DNA als Längenstandard pipettiert. Die elektrophoretische Auftrennung der DNA erfolgte bei 40 V für 16 h.

Für den Transfer der DNA mittels Vakuumblott wurden die Agarosegele mit 0,25 M HCl solange partiell depuriniert, bis ein Farbumschlag des Farbmarkers Bromphenolblau von blau nach gelb diese Reaktion nachwies. Im Anschluss an wiederholtes Spülen der Gele mit H_2O_{dest}

erfolgte eine 30 minütige Inkubation in der Denaturierungslösung und ebenfalls für 30 min eine Behandlung mit Neutralisierungslösung.

Der vertikale Transfer der elektrophoretisch aufgetrennten DNA auf eine positiv geladene Nylonmembran (Hybond^{TM}-N+, Amersham, UK) erfolgte über einen Vakuumblot.

Verwendete Lösungen:

TAE-Puffer	40 mM	Tris-Acetat (pH 8,0)
	1 mM	EDTA
	0,1 µg/ml	Ethidiumbromid
TAE-Laufpuffer	40 mM	Tris-Acetat (pH 8,0)
	1 mM	EDTA
Farbmarker	40 %	Saccharose
	0,25 %	Xylene-Cyanol
	0,25 %	Bromphenol-Blau
Denaturierungslösung	1,5 M	NaCl
	0,5 M	NaOH
Neutralisierungslösung	1,5 M	NaCl
	0,5 M	Tris-HCl
	1 mM	EDTA
20 x SSC	3,0 M	NaCl
	0,3 M	Na-Citrat (pH 7,0)

HindIII und EcoRI geschnittene λ-DNA (New England Biolabs, Beverly, USA)

Grösse der Markerfragmente in bp: 21266, 5148, 4973, 4277, 3530, 2027, 1904, 1584, 1330, 983, 831, 564, 125

2.2.2.3 DNA-DNA Hybridisierung

Informative DNA-Sonden standen aus einer genomischen DNA-Bibliothek PstI-verdauter Raps-DNA der Sommerrapssorte *Duplo* zur Verfügung. Sie wurden im Rahmen der Herstellung einer RFLP-Kopplungskarte des Rapsgenoms von UZUNOVA (1994) am Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung in Göttingen entwickelt. Zusätzlich wurden genomische DNA-Sonden aus einer Klonierung von PstI-DNA-Fragmenten der Sommerrapssorte *Westar* eingesetzt. Diese Sonden wurden am Department of Agronomy der University of Wisconsin, Madison, USA für Diversitätsanalysen der Gattung *Brassica* erstellt.

In einer RFLP-Analyse zur Schätzung genetischer Distanzen innerhalb von Winterraps selektierte KNAAK (1996) aus 166 untersuchten Sonden beider Herkünfte einen Sondensatz von 71 besonders informativen DNA-Sonden.

Zur Markierung der DNA-Sonden mit radioaktivem α-^{32}P-dCTP (ICN Biomedicals, Costa Mesa, USA) wurde das Prime-It^{TM} Random Labelling Kit der Firma Stratagene (La Jolla, USA) entsprechend der 'random primed labeling' Methode, modifiziert nach FEINBERG und VOGELSTEIN (1983), eingesetzt. Alternativ wurden die Sonden mit dem Rediprime^{TM} Random Prime Labelling System von Amersham Pharmacia Biotech (Uppsala, Schweden) mit α-^{32}P-dCTP markiert.

Prime-It^{TM} - Markierungsansatz: 25 ng DNA-Sonde
8 µl oligonucleotide random primer $(dNTP)_9$
8 µl 5 x dCTP-Puffer (je 0,1 mM dATP, dGTP, dTTP)
4 µl α-^{32}P-dCTP
1 µl EXO (-) Klenow DNA-PolymeraseI (5 U/µl)
mit H_2Oauf 40 µl Gesamtvolumen auffüllen

Die Denaturierung der DNA-Sonde und des Nonamer Primers erfolgte bei 100°C für 5 min im Wasserbad. Die weiteren Komponenten des Markierungsansatzes wurden bei einer Temperatur von 37°C dazugegeben. Der Reaktionsansatz wurde für 30 min bei 37°C im Wasserbad inkubiert. Vor der Verwendung in der Hybridisierungsreaktion wurde die ^{32}P-markierte DNA-Sonde erneut für 5 min auf 95 – 100 °C erhitzt und dadurch denaturiert.

Rediprime^{TM} - Markierungsansatz: 25 ng DNA-Sonde, gelöst in 45µl TE - Puffer
oligonucleotide random primer $(dNTP)_9$
dCTP-Puffer (dATP, dGTP, dTTP)
EXO (-) Klenow DNA-PolymeraseI
5 µl α-^{32}P-dCTP

Bei diesem Verfahren sind die Komponenten der Reaktion in getrockneter, stabilisierter Form bereits in einem Eppendorf –Gefäss vereinigt, zu welchem die denaturierte, verdünnte DNA-Sonde gegeben wurde. Markierungs- und Denaturierungsreaktionen unterlagen den gleichen Bedingungen wie bei der zuvor beschriebenen Methode.

Die Hybridisierung der ^{32}P-markierten DNA-Sonden folgte einer modifizierten Methode von BERNATZKY und TANKSLEY (1986). In einem Hybridisierungsofen (Appligene, Illrich) wurden die einzelnen Teilreaktionen, Vorhybridisierung, Hybridisierung und die Waschschritte I und II, bei einer Temperatur von 65°C durchgeführt. Zur Absättigung unspezifischer Bindungsstellen auf den Membranen erfolgte eine Vorhybridisierung mit 50 ml gleichnamiger Lösung. Die Hybridisierung der restringierten, fixierten Raps-DNA mit der denaturierten, radioaktiven Sonde erfolgte in 15 ml Hybridisierungslösung. Beide Reaktionen dauerten ca. 12 -

16 h. Zum Entfernen der überschüssigen, unspezifisch gebundenen DNA dienten 3 Waschschritte. Die Membranen wurden nacheinander mit Waschpuffer I und II für je 20 min mit 200 ml pro Hybridisierungsröhrchen und abschliessend ausgerollt im Wasserbad mit 500 ml des Waschpuffers III gewaschen. Mit einem Handmonitor wurde die Radioaktivität auf der Membran erfasst und bei Werten von unter 100 Impulsen wurden die Membranen in feuchtem Zustand in Frischhaltefolie eingeschlagen. Zur Darstellung der sondenspezifischen Hybridisierungssignale wurden die Membranen auf Röntgenfilmen (Kodak BioMax MS) bei –80°C für ca 7 Tage exponiert.

Verwendete Lösungen:

Denhardt`s (100x)	2 %	PVP-40
	2 %	Ficoll-400
	2 %	BSA
20 x SSC	3,0 M	NaCl
	0,3 M	Na-Citrat (pH 7,0)
Vorhybridisierungslösung	5 x	SSC
	0,6 %	SDS
	50 mM	Na2HPO4
	5 x	Denhardt`s
	200 µg/ml	Heringsperm DNA
Hybridisierungslösung	5 x	SSC
	0,6 %	SDS
	50 mM	Na2HPO4
	5 x	Denhardt`s
	200 µg/ml	Heringsperm DNA
	5 %	Dextransulfat
Waschpuffer I	2 x	SSC
	0,1 %	SDS
Waschpuffer II	1 x	SSC
	0,05 %	SDS
Waschpuffer III	0,5 x	SSC
	0,025 %	SDS

2.3 Feldversuche

2.3.1 Erstellung der Testkreuzungen

Die Testkreuzungen wurden in 9 m^2 großen Isolierkabinen hergestellt. Jede Isolierkabine enthielt in der Mitte eine Doppelreihe einer Resynthese, welche von je einer Doppelreihe der beiden MSL-Tester (MSL004, MSL007) flankiert wurde. So konnte pro Isolierung F1-Saatgut auf den beiden MSL-Linien und Selbstungssaatgut der Resynthese gewonnen werden.
Mit Blühbeginn wurden Bestäuberinsekten in die Kabinen gesetzt. Als Bestäuber diente die rote Mauerbiene (*Osmia rufa*). Mauerbienen leben im Gegensatz zu Hummeln und Honigbienen solitär, lassen sich relativ einfach züchten und können im Puppenstadium bis zum termingerechten Einsatz gekühlt gelagert werden. Eine Untersuchung zur Effizienz der roten Mauerbiene als Bestäuber für die Erstellung von Testkreuzungen erfolgte von DEWENTER (2002) ergänzend zu dieser Arbeit.
Im Anbaujahr 1997/1998 konnten von den vorgesehenen 100 Kreuzungen (2 MSL-Tester x 50 Resynthese-Väter) nur 64 mit ausreichendem Saatgut für eine mehrortige Leistungsprüfung hergestellt werden. Ein schlechter Aufgang der gedrillten Versuche erforderte eine nachträgliche Ergänzung der Parzellen mit vorgezogenen Pflanzen im November 1997. Die nachgepflanzten Resynthesen in der Mitte der Isolierungen waren jedoch in ihrem vegetativen Wachstum den flankierenden MSL-Linien stark unterlegen. Dies führte einerseits zu einer unzureichenden Bestäubung der sterilen Mütter, andererseits auch zu geringen Samenerträgen auf der Bestäuberseite. Daher wurden die Testkreuzungen im Anbaujahr 1998/1999 für 45 Resynthese-Formen wiederholt. Es konnten 1999 alle vorgesehenen Kreuzungen (2 MSL-Tester x 45 Resynthesen) mit ausreichend Saatgut für eine mehrortige Leistungsprüfung hergestellt werden. Dies ermöglichte die Einbeziehung sämtlicher Hybrid-Kombinationen in zumindest eine einjährige, fünfortige Leistungsprüfung.

2.3.2 Versuchsanlage

1998/1999 und 1999/2000 wurden die Leistungsprüfungen der Resynthesen und der F1-Hybriden an den Standorten Einbeck (KWS), Göttingen, Hohenlieth (NPZ), Teendorf (Saatzucht Hadmersleben) und Thüle (DSV) als Zweisatzgitter angelegt. Eine Übersicht über die Versuchsserien gibt Tabelle 2.
Zur Reduktion von Nachbarschaftseffekten innerhalb der einzelnen Versuchsanlagen wurden die Hybriden und Resynthesen jeweils in getrennten Blöcken angebaut. Als Standards und zur Bestimmung des Elternmittels wurden die Liniensorten *Express* und *Falcon* ausgewählt. Eine weitere Standardsorte war mit der BSV–Vergleichssorte *Mohican* ein Linie mit sehr hohen

Ölgehalten. Zusätzlich wurde 1999 (*Joker*) und 2000 (*Pronto*) jeweils eine restaurierte MSL-Hybride als Vergleichssorte berücksichtigt.

Tab. 2: Übersicht über die durchgeführten Leistungsprüfungen

Jahr	Versuch	Gitter (2 Wdh.)	Material	Orte
1999	I	6x6	32 Resynthesen *	5
1999	II	6x6	32 *Express*-Hybriden*	5
1999	III	6x6	28 *Falcon*-Hybriden + 4 *Express*-Hybriden*	5
2000	I	6x6	32 Resynthesen^{+}	3
2000	II	7x7	45 *Express*-Hybriden^{+}	5
2000	III	7x7	45 *Falcon*-Hybriden^{+}	5

(* Standards = *Express, Falcon, Joker, Mohican*; $^{+}$ Standards = *Express, Falcon, Pronto, Mohican*

Im Versuch I wurden in beiden Jahren jeweils 32 Resynthesen getestet. Von den 32 Linien des Versuchs I/1999 wurden 20 auch in Versuch I/2000 geprüft. 12 Resynthesen aus Versuch I/1999 wurden in Versuch I/2000 durch 12 andere Resynthesen ersetzt, so dass von insgesamt 44 Resynthesen die Eigenleistung ermittelt werden konnte. Sechs resynthetisierte Rapsformen (H231, H240, H327, H357, H777, S39) wurden nicht angebaut, da nicht ausreichend Selbstungssaatgut gewonnen werden konnte. Der Versuch I wurde 2000 nur an den Standorten Göttingen, Teendorf und Hohenlieth angebaut.

In Versuch II wurden 1999 32 Kombinationen MSL007 x Resynthese (*Express*-Hybriden) geprüft. Vier weitere *Express*-Hybriden standen 1999 in Versuch III. In Versuch II/2000 wurden 45 *Express*-Hybriden getestet, von denen 31 Testkreuzungen bereits in Versuch II/1999 standen. Von den 50 Testkreuzungen wurden 5 nur in 1999 sowie 14 Hybriden ausschliesslich in 2000 geprüft.

Von den 50 Testkreuzungen MSL004 x Resynthese (*Falcon*-Hybriden) konnten 28 Kombinationen in Versuch III/1999 und 45 Hybriden in Versuch III/2000 angebaut werden. 23 Prüfglieder aus Versuch III/1999 standen auch in Versuch III/2000. 5 Testkreuzungen wurden nur in Versuch III/1999 und 22 Hybriden nur in Versuch III/2000 getestet. Eine Übersicht der in den Leistungsprüfungen 1998/1999 und 1999/2000 eingesetzten Hybriden und Resynthesen befindet sich im Anhang dieses Berichtes (Tab. 29).

2.3.3 Versuchsstandorte

Die klimatisch günstigen Bedingungen trugen 1999 zu einem positiven Gesamteindruck der Versuche bei, da weder starker Krankheitsdruck noch übermäßiges Lager eine Rolle spielten.
Das Anbaujahr 2000 war an allen Orten durch eine ungewöhnliche Trockenheit während der Blüte gekennzeichnet. Die Niederschläge im April erreichten an den jeweiligen Orten nur ca. 50% der monatsüblichen Menge des langjährigen Mittels. Auch eine um 2-3°C erhöhte Tagesmitteltemperatur für die Monate April/Mai trug zu erhöhtem Trockenstress an den Versuchsstandorten bei. Am Standort Thüle konnte 2000 ein starker Befall der Versuche mit *Sclerotinia* beobachtet werden. In Einbeck trat hingegen verstärkt *Verticilium* als Schaderreger auf. In Tabelle 3 sind die klimatischen und pflanzenbaulichen Kenngrössen der Versuchsstandorte zusammengefasst.

Tab. 3: Eigenschaften der Versuchsstandorte

Eigenschaft	I Göttingen	II Einbeck	III Thüle	IV Teendorf	V Hohenlieth
Höhe über NN (m)	150	123	100	49	40
langjähriges Temperaturmittel (°C)	8,7	8,8	8,9	8,5	8,3
langjähriges Niederschlagsmittel (mm)	645	644	914	622	777
Parzellengrösse (m^2)	11,25	17,5	11,4	12	13,1
Aussaatstärke (Samen/m^2)	80	65	80	60	70
Reihenabstand (cm)	25	21	22,5	24	28
1998/1999					
Bodenart	L	L	sL	sL	sL
Ackerwertzahl	82	85	62	40	52
Vorfrucht[7]	WG	WG	WG	WG	WG
∅Temperatur (°C)	9,2	8,7	9,8	9,2	8,7
∅Niederschlag (mm)	753	1069	1183	705	816
1999/2000					
Bodenart	L	L	sL	sL	sL
Ackerwertzahl	89	90	65	40	52
Vorfrucht	WG	WG	WG	WG	WG
∅Temperatur (°C)	9,8	9,2	10,1	10,1	9,6
∅Niederschlag (mm)	642	859	1044	689	762

[7] WG=Wintergerste

2.3.4 Merkmalserfassung

An den einzelnen Versuchsstandorten wurden die phänotypischen Merkmale nach den ortsüblichen Verfahren erfasst. Der Samenertrag wurde als Mähdruschernte an allen 5 Versuchsstandorten ermittelt. Die Qualitätsmerkmale wurden mittels NIRS (REINHARD 1992) erhoben. Am Standort II, Einbeck, wurde nur das Merkmal Samenertrag erhoben. An den anderen Orten wurden weitere Merkmale wie folgt erfasst;

Pflanzenhöhe	Länge in cm zum Zeitpunkt Blühende in der Mitte der Parzelle gemessen.
Samenertrag	Erfassung durch Mähdruschernte und Standardisierung auf einen Trockenmasseanteil von 91 %. Angabe in dt/ha.
Ölgehalt	Messung durch Nah-Infrarot-Reflektion-Spektroskopie (NIRS) und Angabe in % bezogen auf einen Trockenmasseanteil von 91 %.
Proteingehalt	Messung durch Nah-Infrarot-Reflektion-Spektroskopie (NIRS) und Angabe in % bezogen auf einen Trockenmasseanteil von 91 %.
Glucosinolatgehalt	Messung durch Nah-Infrarot-Reflektion-Spektroskopie (NIRS) und Angabe in µmol/g entfettetes Mehl
Gehalt an Erucasäure	Messung durch Nah-Infrarot-Reflektion-Spektroskopie (NIRS) und Angabe in % der Gesamtfettsäuren

2.4 Gewächshausversuch

Zur Ermittlung der Biomasse an 12 Wochen alten Rapspflanzen wurden die 50 Resynthesen des Feldversuchs (Tab. 21), ihre 50 Testkreuzungen mit *Express*-MSL und die Liniensorte *Express* im Gewächshaus unter kontrollierten Bedingungen angezogen. Von jedem Genotyp wurden 10 Pflanzen in 7x10 Multitopfplatten bei 18°C und 16 h Zusatzlicht in einem Gemisch aus Fruhstorfer Erde Typ "T" und Quarzsand (1/1) kultiviert. Als Versuchsanlage wurde ein randomisierter Blockversuch mit zwei Wiederholungen gewählt. Hybriden und Resynthesen wurden entsprechend den Freilandversuchen in getrennten Versuchen angezogen, um Konkurrenzeffekte zwischen Hybriden und Resynthesen zu vermeiden. Die Trockenmasse wurde für Spross und Wurzeln getrennt, nach Trocknung bei 70 °C für 72 h, erfasst.

2.5 Datenanalyse

2.5.1 Auswertung der RFLP-Daten und Bestimmung genetischer Distanzen

Die ausgewerteten Bandenmuster der einzelnen Sonde/Enzym – Kombinationen wurden in eine binäre Datenmatrix übertragen. Hierbei wurde die Anwesenheit einer Bande mit "1", das Fehlen

einer Bande mit "0" gewertet. Monomorphe Banden wurden nicht für die Berechnung der genetischen Distanzen berücksichtigt. Die anschließende Schätzung genetischer Distanzen aller möglichen Paarvergleiche erfolgte nach dem von NEI und LI (1979) für RFLP-Analysen vorgeschlagenem Koeffizienten von DICE (1945):

$$GD_{Dice} = 1 - \frac{2a}{2a + (b+c)}$$

a = Anzahl der Banden, die bei beiden Genotypen vorhanden sind
b = Anzahl der Banden, die nur Genotyp A hat
c = Anzahl der Banden, die nur Genotyp B hat

Zur Identifizierung von Genotypengruppen diente anschließend eine Clusteranalyse nach dem "average linkage" Verfahren (BACKHAUS et al. 1990). Zur Überprüfung der Dendrogramme wurden cophenetische Korrelationen nach SNEATH und SOKAL (1973) errechnet. Sie sind ein Mass für die Übereinstimmung zwischen den Distanzwerten, die sich aus der Clusteranalyse ergaben, und den entsprechenden, nach DICE (1945) geschätzten Distanzen der einzelnen Paarvergleiche. Als weitere Darstellungsform der genetischen Distanzen aller Paarvergleiche wurde eine Hauptkoordinatenanalyse (BACKHAUS et al. 1990) durchgeführt. Sämtliche Berechnungen erfolgten mit dem Programm NTSYS-pc 2.1 (ROHLF 2000).

2.5.2 Statistische Auswertung der Feldversuche

Die Auswertung der Zweisatzgitter lieferte für jeden Ort die um die Effekte der unvollständigen Blöcke korrigierten Mittelwerte der erfassten Merkmale.
Diese Mittelwerte bildeten die Grundlage für eine zusammenfassende Varianzanlyse (ANOVA) über die einzelnen Versuchsorte und Jahre. Da die einzelnen Teilversuche in Anzahl und Zusammensetzung der Prüfglieder in beiden Versuchsjahren stark variierten, konnte jeweils nur ein Teil der Prüfglieder zweijährig ausgewertet werden. Entsprechend berechnen sich die Werte für die Heterosis und das Elternmittel für einige Testkreuzungen aus einjährigen, für andere Kombinationen aus zweijährigen Mittelwerten. Als Bezugsgrösse für die Relativwerte der Resynthesen und der Hybriden wurde das Mittel der vier Standardprüfglieder herangezogen. Grenzdifferenzen wurden über einen multiplen t-Test berechnet. Die Verrechnung der Versuchsserien erfolgte nach folgenden Modellen:

Gitteranalyse der Einzelversuche:

$x_{ijk} = \mu + w_i + b_{ij} + p_k + e_{ijk}$

Dabei entspricht:
x_{ijk} Merkmalswert des k-ten Prüfglieds in der i-ten Wiederholung und j-ten Block
μ Versuchsmittelwert
w_i Effekt der i-ten Wiederholung (i = 1, 2)
b_{ij} Effekt des j-ten Blocks in der i-ten Wiederholung (j = 1 bis 7)
p_k Effekt des k-ten Prüfglieds ($k = 1\text{-}36_{1999}$, $k = 1\text{-}49_{2000}$)
e_{ijk} Zufallseffekt von x_{ijk} = Versuchsfehler

Varianzanalyse der Versuchsserien:

Ein Versuchsjahr:
$x_{kl} = \mu + p_k + o_l + (po)_k l + e_{kl}$

Zwei Versuchsjahre:
$x_{klm} = \mu + p_k + o_l + j_m + (po)_{kl} + (pj)_{km} + (oj)_{lm} + (poj)_{klm} + e_{klm}$

Dabei entspricht:
$x_{klm(n)}$ Merkmalswert des k-ten Prüfglieds am l-ten Ort und im m-ten Jahr (bzw. in der n-ten Umwelt)
μ Versuchsmittelwert
p_k Effekt des k-ten Prüfglieds (k = 1 bis 36 bzw.1 bis 49)
o_l Effekt des l-ten Ortes (l = 1 bis 5)
j_m Effekt des m-ten Jahres (m = 1, 2)
$(po)_{kl}$, $(pj)_{km}$, $(oj)_{lm}$, $(pu)_{kn}$ entsprechende Interaktionen der jeweiligen Effekte
e_{ijk} : der Fehler

In einem gemischten Modell wurden für die ANOVA die Faktoren Ort und Jahr als zufällig, der Faktor Prüfglied hingegen als fixiert angesehen. Zur zweijährigen Verrechnung der Resynthesen (Versuch I) wurden die Faktoren Ort und Jahr zum Faktor Umwelt zusammengefasst , da dieser Teilversuch in 2000 nur an drei Orten angebaut wurde (siehe 2.3.1).

2.5.3 Berechnung von allgemeiner und spezifischer Kombinationsfähigkeit

Die Prüfung auf allgemeine (GCA) und spezifische Kombinationsfähigkeit (SCA) von 50 Resynthesen in Kombination mit zwei MSL-Testern erfolgte nach folgendem Modell:

$\boxtimes_{ijk} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + o_k + (go)_{ik} + (go)_{jk} + (so)_{ijk} + e_{ijk}$

Dabei entspricht:

$\boxtimes_{ijk}$: der phänotypische Wert der Testkreuzung der i-ten Mutter mit dem j-ten Vater am Ort k
μ : der allgemeine Mittelwert des Versuches
g_i : der Effekt der allgemeinen Kombinationseignung der i-ten Mutter (GCA-Tester), (i=1,2)
g_j : der Effekt der allgemeinen Kombinationseignung des j-ten Vaters (GCA-Resynthese) ,j=1-50)

s_{ij} : der Wechselwirkungseffekt der i-ten Mutter mit dem j-ten Vater (SCA)
o_k : der Effekt des k-ten Ortes
$(go)_{ik}$, $(go)_{jk}$, $(so)_{ijk}$:entsprechende Interaktionen der jeweiligen Effekte
e_{ijk} : der Fehler

Die relative Bedeutung der Faktoren Resynthese, Tester und deren Interaktionen auf die Variation zwischen den Testkreuzungen wurde über den prozentualen Anteil der Summe der Abweichungsquadrate der einzelnen Faktoren zur Summe der Abweichungsquadrate der Hybriden ermittelt..

GCA-Effekte für die Resynthese-Väter, die beiden MSL-Tester und SCA-Effekte für die Testkreuzungen wurden nach BECKER (1993) bestimmt.

$g_i = ☒_i - ☒$
$g_j = ☒_j - ☒$
$s_{ij} = ☒_{ij} – (☒ + g_i + g_j)$

Dabei entspricht:

g_i der Effekt der i-ten Mutter (GCA-Tester)
g_j der Effekt des j-ten Vaters (GCA-Resynthese)
s_{ij} der Wechselwirkungseffekt der i-ten Mutter mit dem j-ten Vater (SCA)
☒i der Mittelwert aller Testkreuzungen mit der i-ten Mutter
☒j der Mittelwert aller Testkreuzungen mit des j-ten Vaters
☒ij der allgemeine Versuchsmittelwert

Die varianzanalytische Verrechnung der Datensätze erfolgte mit dem Programm PLABSTAT (PLAnt Breeding STATistical program, Version 2F 1991 von UTZ (1991).

3 Ergebnisse

3.1 Genetische Distanzen

3.1.1 Polymorphismen und Bestimmung genetischer Distanzen

Mit den ausgewerteten 23 Sonde-Enzym-Kombinationen (SEK) konnten insgesamt 129 RFLP-Banden in den 199 Genotypen des RFLP – Sortiments beobachtet werden. Von diesen waren 127 (98,5 %) Fragmente polymorph. Im Mittel konnten 5,5 informative Banden pro SEK ausgewertet werden. Für die 57 konventionellen Sorten (Winter-, Sommer- und chinesischer Raps) erhöhte sich der Anteil monomorpher Fragmente auf 18 Banden (14 %). Zwischen den Winterrapssorten zeigten 38 Banden (29,5 %) keinen Polymorphismus. Tabelle 28 im Anhang gibt eine Übersicht der mit den einzelnen SEK erhaltenen Bandenmuster.

Die errechneten Distanzen innerhalb der drei Formenkreise Winterraps, Sommerraps und chinesischem Raps waren signifikant niedriger als die genetischen Distanzen zwischen den verschiedenen Materialgruppen (Tab. 4).

Tab. 4: Mittelwert, Minimum, Maximum und Standardabweichung der Distanzwerte innerhalb und zwischen den verschiedenen Formenkreisen

Matateriel	N[a]	MW[b]	Min	Max	S	Vk[c]
Wi x Wi	496	0.213 a	0,03	0,39	0.055	25.85
Wi x So	416	0.346 e	0,17	0,50	0.054	15.73
Wi x Ch	384	0.348 e	0,22	0,49	0.054	15.65
Wi x Re_{44}	1408	0.313 c	0,15	0,48	0.054	17.30
So x So	78	0.231 a	0,07	0,35	0.060	25.76
So x Ch	156	0.378 g	0,24	0,50	0.054	14.25
So x Re_{44}	572	0.383 g	0,18	0,61	0.061	15.87
Ch x Ch	66	0.279 b	0,11	0,40	0.060	21.65
Ch x Re_{44}	528	0.389 g	0.24	0.58	0.058	14.95
Re x Re_{44}	946	0.327 d	0,11	0,52	0.062	19.06
Re x Re_{142}	10011	0.363 f	0,02	0,65	0.075	20.74

[a] Anzahl der Paarvergleiche
[b] Werte mit gemeinsamen Buchstaben unterscheiden sich nicht signifikant (*t*-Test, p=0,001)
[c] Variationskoeffizient

Zwischen verschiedenen Sorten innerhalb des Winterrapses oder innerhalb des Sommerrapses wurden im Mittel Distanzwerte von 0,23 bzw. 0,21 beobachtet. Als maximale genetische Distanz wurde im Winterraps ein Wert von 0,39 (zwischen den Linien Accord und Mansholts) und im Sommerraps von 0,35 (zwischen den Linien Tanto und Iris) geschätzt.

Die grössten mittleren Distanzwerte traten zwischen den 44 Resynthesen des Kreuzungsversuchs (Re_{44}) und Sommerraps (0,38) bzw. chinesischen Sorten (0.39) auf. Mit einer mittleren genetischen Distanz von 0,31 zwischen den Resynthesen und Winterraps zeigte sich ein grösserer genetischer Unterschied zwischen beiden Materialgruppen als innerhalb der Winterrapssorten (Abb. 1). Die grösste Variation der Distanzwerte trat innerhalb der 142 Resynthesen (Re_{142}) auf.

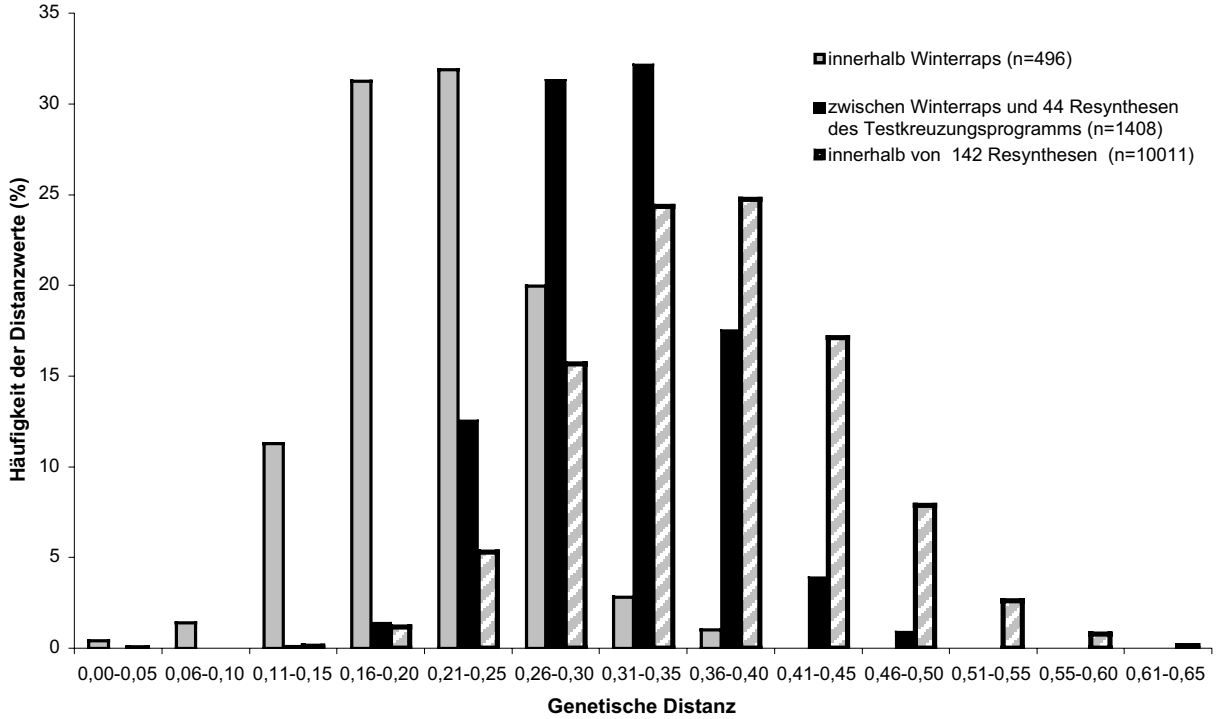

Abb. 1: Relative Häufigkeit der geschätzten Distanzen innerhalb von Winterraps, zwischen Winterraps und den 44 Resynthesen des Kreuzungsversuchs (Re_{44}) und innerhalb des gesamten Resynthesesortiments (Re_{142})

Zwischen den beiden MSL-Testern und den Resynthesen des Kreuzungsversuchs wurden mittlere genetischen Distanzen von 0,31 (zu MSL007) und 0,32 (zu MSL004) geschätzt. Die errechnete Distanz zwischen den MSL-Testern betrug 0,25. Ein Vergleich der beiden Testkreuzungsserien (Abb. 2) zeigte eine signifikante Korrelation der Distanzen zwischen den Resynthesen und den beiden MSL-Testern.

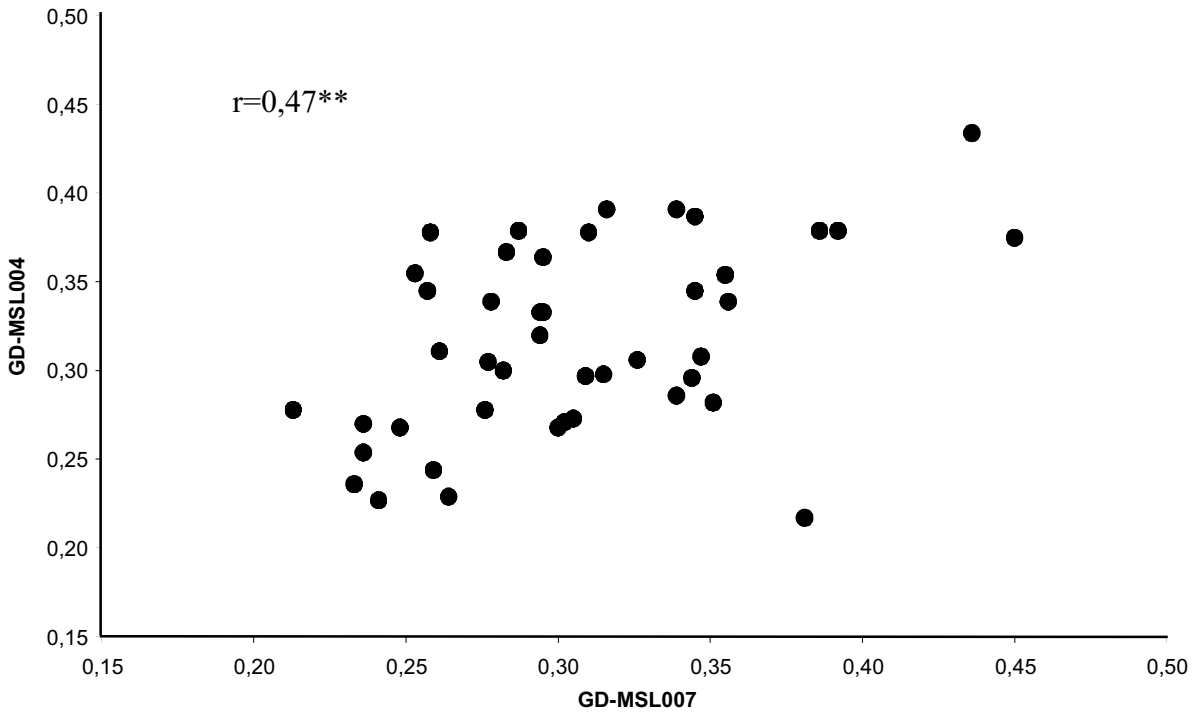

Abb. 2: Genetische Distanzen (GD) der 44 Resynthesen des Kreuzungsversuchs zu den Testern MSL 004 (Falcon) und MSL 007 (Express)

3.1.2 Clusteranalyse von 57 Rapssorten- und zuchtstämmen

Die ermittelten genetischen Distanzen aller Paarvergleiche bildeten die Grundlage für die Beschreibung der genetischen Struktur des untersuchten Materials. Während Hauptkomponentenanalysen eine Übersicht über genetisch divergente Gruppierungen ermöglichen, erlauben Clusteranalysen eine Aussage über die Verwandtschaftsbeziehungen zwischen einzelnen Linien. Die Beziehungen zwischen den 57 konventionellen Rapslinien nach einer Clusteranalyse sind in Abb. 3 in einem Dendrogramm dargestellt. Winterraps (W), Sommerraps (S) und chinesische Rapsformen (C) konnten in drei eindeutig abgrenzbare Hauptgruppen eingeteilt werden. Die beiden asiatischen Formen Italy und Xiangyou 11 konnten keiner Gruppe zugeordnet werden und nehmen mit einer mittleren GD von 0,33 zu Winterraps und von 0,42 zu den weiteren chinesischen Linien eine intermediäre Position zwischen diesen Formenkreisen ein.

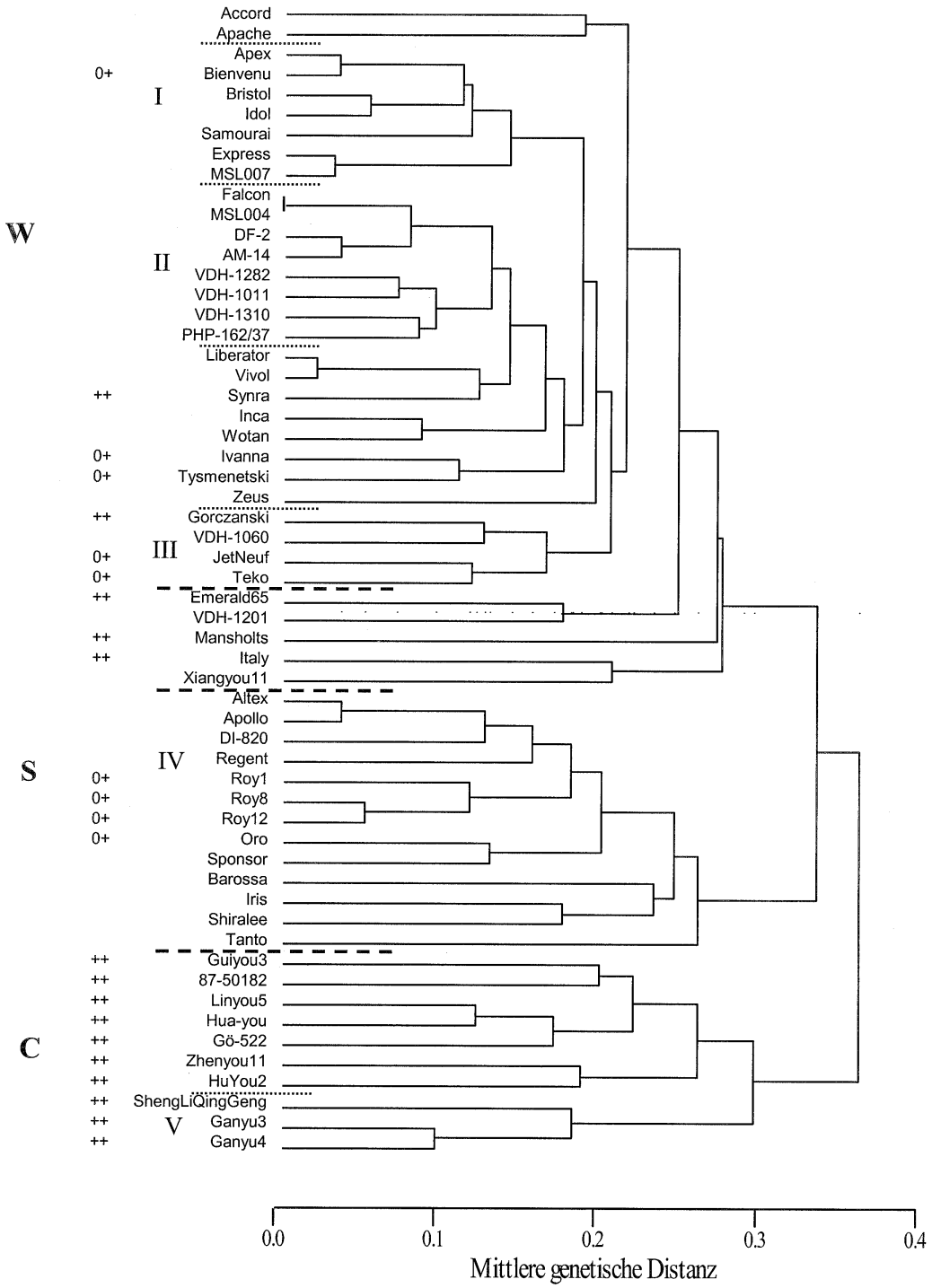

Abb. 3: Dendrogramm der Distanzbeziehungen zwischen 57 Rapslinien
(Erklärung siehe Text)

Auch die niederländische Landsorte Mansholts Hamburger Raps, die Futterrapssorte Emerald 65 und die ukrainische Linie VDH-1201 wurden keiner der drei Hauptgruppen zugeordnet. Mit mittleren genetischen Distanzen von 0,33 (Mansholts) und 0,30 (Emerald 65 und VDH-1201) unterscheiden sich diese Linien klar von allen anderen Winterrapssorten des Sortiments. Die Gruppenbildung innerhalb der Winterrapssorten entsprach mehrheitlich den bekannten Abstammungsdaten der einzelnen Linien. Die beiden MSL-Linien wurden mit genetischen Distanzen von 0,04 (MSL004 – Falcon) und 0,06 (MSL007 – Express) sehr gut ihren fertilen Ursprungssorten zugeordnet. Die ukrainischen Linien mit 00-Qualität DF-2 bis PHP-162/37 bilden zusammen mit Falcon eine Gruppe (I) auf einem Distanzniveau von GD=0,17, wogegen die älteren, glucosinolathaltigen Herkünfte aus der Ukraine (Tysmenetski und Ivanna) erst bei einer Distanz von 0,24 zu diesen Linien gruppiert wurden. Übereinstimmend mit den Pedigreeinformationen wurden die Sorten Express, Bristol, Idol, und Samourai zusammengefasst (II), die unter anderem aus der Sorte Bienvenue hervorgegangen sind. Die älteren Winterrapssorten Jet Neuf, Teko (beide mit 0+-Qualität) und Gorczanski (++-Qualität) wurden ebenfalls zu einer Gruppe (III) zusammengefasst.

Innerhalb der Sommerrapssorten erfolgte eine Gruppierung der kanadischen Herkünfte zusammen mit den australischen Formen Roy 1 – 12, die aus der kanadischen Sorte Oro entwickelt wurden (IV). Die australischen Sommerrapssorten Barossa und Shiralee sowie die europäische Linie Iris werden erst bei einer Distanz von 0,30 zu einer Gruppe zusammengefasst und die französische Sorte Tanto weist mit einem Wert von 0,32 die grösste mittlere Distanz zu allen weiteren Sommerrapsformen auf. Die chinesischen Sorten der dritten Hauptgruppe (C) bilden die Gruppe mit den höchsten Distanzen (GD=0,42) zu allen anderen Rapslinien. Innerhalb dieser Materialgruppe zeigte sich ebenfalls eine hohe genetische Diversität, was unter anderem an der hohen genetischen Distanz (GD=0,35) der drei Linien der Gruppe V zu den übrigen Sorten dieser Hauptgruppe erkennbar ist. Die cophenetische Korrelation zwischen den Distanzwerten der einzelnen Paarvergleiche und den mittleren genetischen Distanzen in der Clusteranalyse belegte mit r=0,83 eine gute Übereinstimmung des Dendrogramms mit der Distanzmatrix.

3.1.3 Hauptkoordinaten- und Clusteranalyse von 57 Rapslinien und 44 Resynthesen aus dem Testkreuzungsexperiment

In einem zweiten Schritt wurden die genetischen Distanzen von 44 Resynthesen des Testkreuzungsexperiments zu den 57 konventionellen Rapsformen in Beziehung gesetzt. Eine Hauptkoordinatenanalyse (Abb. 4) bestätigt die bereits nach den Distanzwerten unterscheidbaren Materialgruppen und verdeutlicht die genetische Struktur des untersuchten

Materials. Zusammen erklären die beiden ersten Hauptkoordinaten 18,4% der genetischen Variation der untersuchten Linien. Winter- und Sommerraps werden von der ersten Hauptkoordinate aufgetrennt wogegen die chinesischen Sorten durch die zweite Hauptkoordinate abgegrenzt werden. Die Sorten Italy, Xiangyou11 und Mansholts gruppieren wie auchbei der Clusteranalyse (Abb. 3) zwischen den drei Hautgruppen. Die beiden australischen Sommerrapssorten Barossa und Shiralee, welche teilweise auf asiatisches Material zurückgehen, nehmen eine intermediäre Position zwischen Sommerraps und den chinesischen Herkünften ein. Die Mehrzahl der 44 analysierten Resynthesen aus dem Kreuzungsversuch unterscheiden sich von den weiteren Materialgruppen und werden durch die zweite Hauptkoordinate differenziert. Einige Resynthesen werden jedoch zusammen mit den Winterrapssorten angeordnet und mit Nr. 24 gruppiert eine Resyntheselinie zusammen mit den Sommerrapssorten. Diese Resynthese konnte auch im Beobachtungsanbau als Sommerform identifiziert werden.

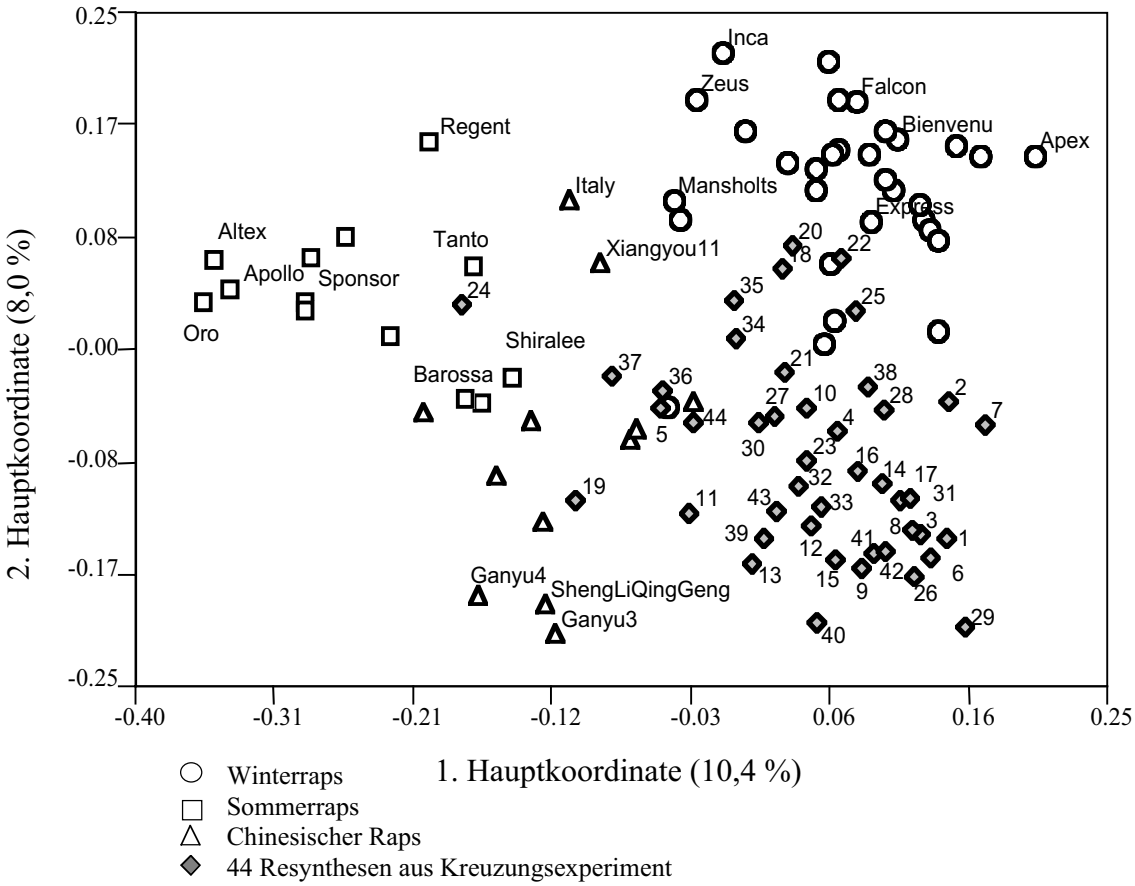

Abb. 4: Hauptkoordinatenanalyse der 57 Rapslinien und den 44 Resynthesen des Kreuzungsversuchs

Die Clusteranalyse für die 57 Sorten und 44 Resynthesen (Abb. 5) bestätigt die genetische Ähnlichkeit mehrerer Resynthesen zu konventionellen Linien. Die Resynthese 22 (0+) clusterte zusammen mit der Populationssorte Gorczanski und auch die ebenfalls erucasäurefreie Linie 20 zeigt mit einer mittleren GD von 0,25 eine grosse genetische Ähnlichkeit zu den Winterrapslinien auf.

Eine weitere Gruppe von Resynthesen (I) mit geringen genetischen Distanzen zu Winterraps setzt sich mehrheitlich aus Linien zusammen, die an der Universität Berlin entwickelt wurden. Mit den Linien 25, 35 und 36 fallen drei Linien durch 0+-Qualität auf. Nach Pedigreeinformationen geht allerdings nur die Linie 36 (S12) auf eine erucasäurearme Ölrübsen-Sorte zurück (Tab.22). Diese Linien bilden jedoch kein einheitliches Cluster und wurden nur aufgrund ihrer geringen genetischen Distanz zum Winterraps zur Gruppe I zusammengefasst. In einer zweiten Gruppe (II) wurden 19 weitere Resynthesen zusammengefasst, die sich mit einer mittleren Distanz von 0,31 stärker von Winterraps abgrenzten als die Linien der Grupppe I. Auch in dieser Gruppe traten erucasäurefreie Linien auf, deren Ausgangsformen jedoch ausschliesslich erucasäurehaltig waren. Die Resynthesen der Gruppe III und IV bilden kein gemeinsames Cluster und weisen hohe GD-Werte untereinander, als auch zu Winterraps (0,33 – 0,36) auf. Auf dem gleichen Distanzniveau grenzt sich auch die Sorte Mansholts von allen anderen Winterrapsformen ab. Die Gruppierung der Resynthesen 21 und 24 zu den Sommerrapssorten erfolgte erst bei einer Distanz von 0,32 und die Resynthese 5 wurde erst bei einem Wert von 0,35 diesem Formenkreis angegliedert. Diese Gruppenbildung ist als nicht sehr stabil zu bezeichnen, da sich die Resynthesen von den Sommerformen fast genau so sehr unterscheiden wie von den Winterrapssorten (GD=0,36). Die grössten mittleren Distanzen zu allen anderen Resynthesen und Rapssorten weisen die Resynthesen der Gruppe IV auf. Die Mitglieder dieser Gruppe, 15, 19 und 43 zeigen untereinander jeoch auch grosse genetische Unterschiede und insbesondere Resynthese 1 (G39) clustert mit keiner anderen Linie und ist mit einem Wert von 0,40 klar von allen anderen Raps- und Resyntheseformen abgrenzbar. Diese Linie geht auf eine Kreuzung einer Weisskohlsorte mit einem gelbsamigen Ölrübsen zurück.

Die relativ geringe cophenetischen Korrelation von r=0,73 deutet darauf hin, dass insbesondere die Gruppierungen der Resyntheselinien in geringerem Umfang absicherbar sind als die identifizierten Hauptgruppen innerhalb der 57 untersuchten konventionellen Linien (r=0,83). Auch die mittlere genetische Distanz zwischen diesen 44 Linien ist mit 0,33 grösser als die mittlere GD dieser Linien zu Winterraps (0,31) und weist auf die heterogene Struktur der Resynthesen hin.

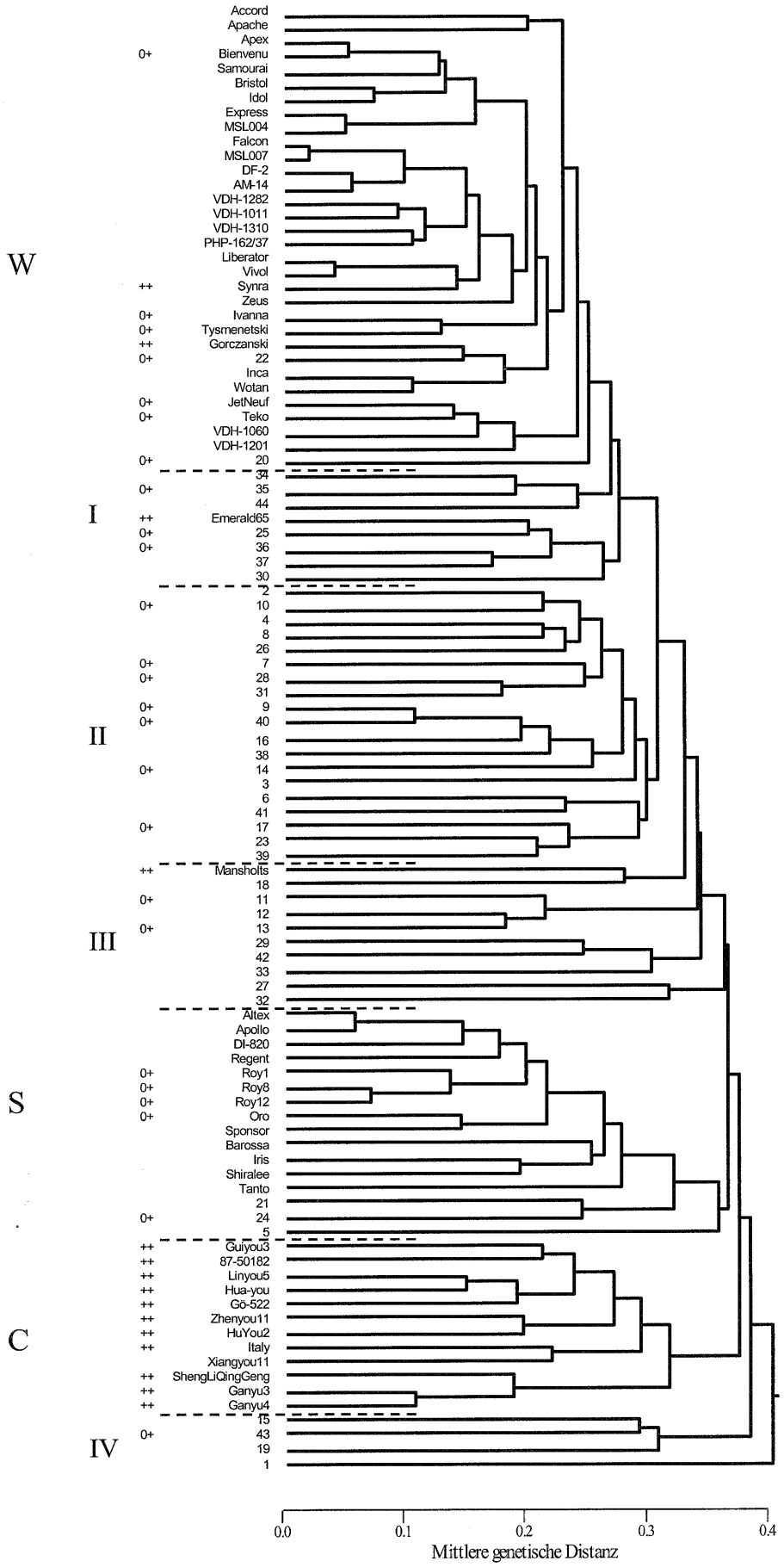

Abb. 5: Dendrogramm der Distanzbeziehungen zwischen 57 Rapslinien und den 44 Resynthesen des Kreuzungsversuchs

3.1.4 Hauptkoordinaten- und Clusteranalyse von 57 Rapslinien und 142 Resynthesen

Zusätzlich zu den für die Testkreuzungen mit Winterraps eingesetzten und vorselektierten Resynthesen wurden 98 weitere Resyntheseformen in die RFLP-Analyse einbezogen. Insgesamt wurden 142 Resynthesen in Bezug auf ihre genetische Diversität mit konventionellem Zuchtmaterial verglichen. In einer Hauptkoordinatenanalyse (Abb. 6) konnte die grosse genetische Variation des Resynthese-Materials aufgezeigt werden Die Unterschiede zwischen Winter- und Sommerraps wurden im wesentlichen durch die zweite Hauptkoordinate beschrieben, welche 6,8% der Variation der Distanzwerte erklärte. Unterschiede zwischen den 44 Resynthesen des Kreuzungsexperiments (◇) konnten hingegen überwiegend durch die erste Hauptkoordinate (10,2%) erklärt werden. Für diese 44 Resynthesen variierten die Werte der ersten Hauptkoordinate um einen Betrag von 0,3. Im Vergleich hierzu unterschieden sich die Werte der 98 weiteren Resynthesen (◆)um 0,6 Einheiten auf der ersten, und um 0,5 Einheiten auf der zweiten Hauptkoordinate.

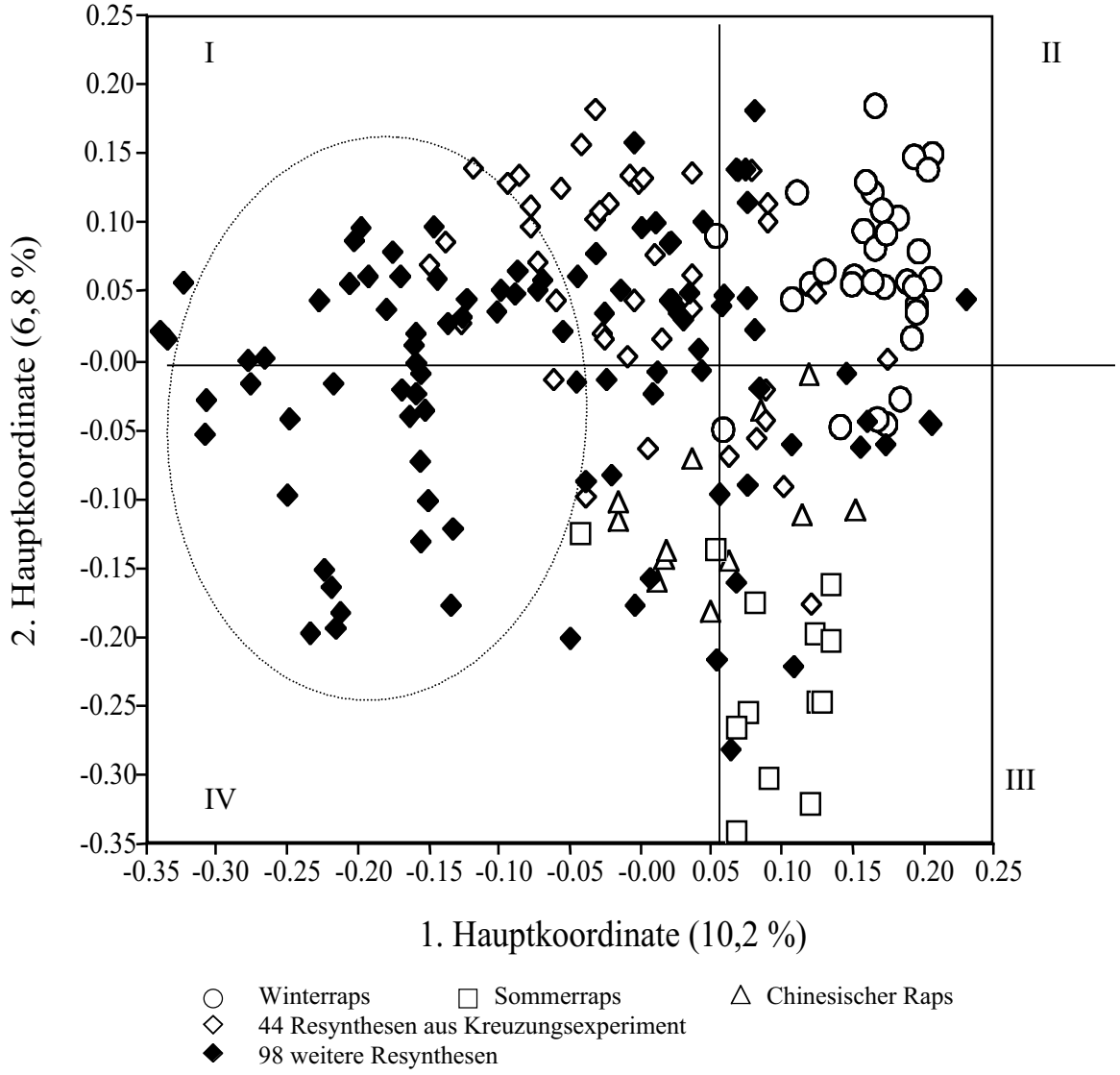

Abb. 6: Hauptkoordinatenanalyse von 57 Rapslinien und 142 Resynthesen

Während die Winterrapssorten in der Hauptkoordinatenanalyse überwiegend in Quadrant II gruppiert wurden und die Sommerformen mit den chinesischen Sorten in Quadrant III zusammengefasst wurden, waren die Resynthesen auf alle vier Quadranten verteilt. Die 44 Resynthesen aus dem Kreuzungsexperiment befanden sich mehrheitlich im Übergangsbereich der Quadranten I und II sowie II zu III, wogegen die weiteren 98 Resynthesen sich zusätzlich auf die Quadranten III und IV verteilen und so eine höhere genetische Diversität als alle anderen Materialgruppen aufweisen.

Zwar deutet die gleichmässige Verteilung der 142 Resynthesen in der Hauptkoordinatenanalyse darauf hin, dass eine zusätzliche Clusteranalyse auch keine Untergliederung der Resynthesen in wenige, klar abgrenzbare Hauptgruppen ermöglichen würde, doch lassen sich durch diese Darstellungsform die Abstammungsdaten der Resynthesen mit ihrer Position im Dendrogramm (Abb. 7) vergleichen. Auch in dieser Clusteranalyse konnten die drei Hauptgruppen Winter-, Sommer- und chinesischer Raps identifiziert und gegen die Resynthesen abgegrenzt werden. Zusätzlich zu Resynthese 22 gruppieren zwei weitere Resynthesen mit 0+-Qualität (88 und 99) zusammen mit der Sorte Accord innerhalb von Winterraps. Von den Resynthesen ausserhalb der Winterraps-Hauptgruppe weisen die Gruppen I und II mit mittleren Distanzen von 0,27 bzw. 0,28 die grösste Ähnlichkeit zu Winterraps auf. Diese Gruppen setzen sich ausschliesslich aus Resyntheseformen, die an der FU Berlin entwickelt wurden, zusammen. Mit den Linien 36 und 125 clustern zwei Resynthesen zusammen, die auf die gleiche interspezifische Kreuzung (Weisskohl x Ölrübsen) zurückgehen. Gleiches gilt für die Linien 34 und 123 welche ebenfalls aus einer Kreuzung (Stoppelrübe x Grünkohl) hervorgegeangen sind. Mit den Ressynthesen 35, 37, 44 und 124 enthalten die Gruppen I und II weitere Resynthesen mit der gleichen Herkunft, jedoch unterschiedlichen diploiden Ausgangseltern. Die semi-resynthetisierten Linien (☆) 126 und 127 besitzen einen Genomanteil von fünfzig Prozent aus Raps bzw. Scheerkohl. Eine weitere semi-resynthetisierte Linie (128) wurde hingegen mit einer mittleren GD von 0,39 in Gruppe VI eingeordnet. Die weiteren Gruppierungen im Bereich III des Dendrogramms erlauben nur begrenzte Schlüsse auf gemeinsame Abstammungsdaten einzelner Linien, da sich die mittleren genetischen Distanzen zu Mitgliedern der gleichen Gruppe von den Distanzen zur nächsten Gruppe mit Werten von 0,01 bis 0,02 nur minimal unterschieden. Auch können die gefundenen Gruppierungen nicht immer durch Pedigreeinformationen bestätigt werden (Gruppe IIIa). Die Mitglieder der Gruppe IIIb lassen sich hingegen auf die gleiche *B. oleracea* Form zurückführen. Gleiches gilt auch für die Resynthesen 31 und 110 und die Linien 12 und 63 (➡).

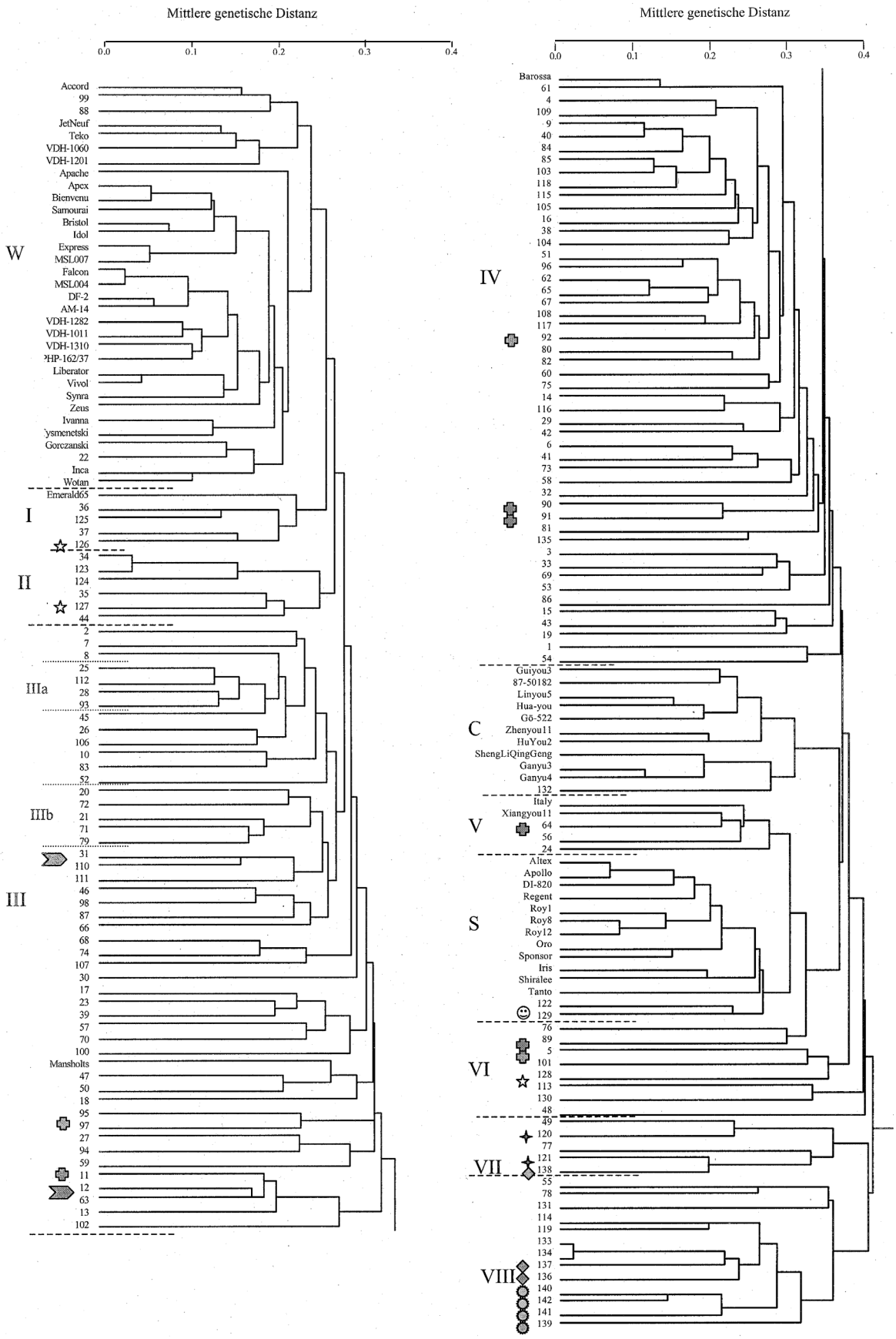

Abb. 7: Dendrogramm von 57 Rapslinien und 142 Resynthesen

Die mittleren genetischen Distanzen der einzelnen Gruppierungen zu Winterraps variierten im Bereich III des Dendrogramms von 0,31 bis zu 0,35. Für den Abschnitt IV ist eine Zunahme der mittleren genetischen Distanz bis auf einen Wert von 0,38 zu erkennen. Auf dem gleichen Distanzniveau unterscheiden sich die chinesischen Herkünfte und die Sommerrapssorten von Winterraps. Auffallend ist die Sorte Barossa die im Gegensatz zu den vorherigen Clusteranalysen nicht zu den übrigen Sommerformen gruppiert wird. Mit den Linien 122 und 129 konnten zwei Sommer-Resynthesen als Auskreuzungen mit Zuchtmaterial identifiziert werden(☺). Mit mittleren genetischen Distanzen zu Winterraps von 0,34 bis zu 0,39 unterschieden sich die untersuchten *B. napocampestris* – Formen (✚) deutlich vom Zuchtmaterial, bildeten jedoch keine einheitliche Gruppe im Dendrogramm. Diese Linien gehen auf Kreuzungen zwischen *B. napus* und *B. rapa* zurück. Die Linien 90, 91 und 92 entstanden aus Kreuzungen von *B. napus ssp. napobrassica* (Kohlrübe) mit *B. rapa ssp. oleifera* (Ölrübsen), die Formen 5, 11 und 64 stammen von Kreuzungen zwischen *B. napus var. pabularia* (Scheerkohl) und *B. rapa ssp. pekinensis* (Chinakohl) ab. Die Linie 89 entstand aus einer Kreuzung zwischen Raps und einem gelbsamigen Ölrübsen (wahrscheinlich *ssp. trilocularis*, Yellow Sarson). Die grössten mittleren genetischen Distanzen zu allen anderen Linien wurden für die Resynthesen in den Gruppen VII und VIII ermittelt. Mit einem Distanzwert von GD=0,42 werden in der Gruppe VIII Resynthesen mit der asiatischen *B. oleracea* – Form *B. alboglabra* im Pedigree zusammengefasst (139 bis 142, ○). Auch Formen aus Kreuzungen zwischen Strauchkohl (*B. oleracea convar. fructicosa*) und Chinakohl (*B. rapa ssp. pekinensis*) wurden in diese Gruppe eingeordnet (136, 137 und 138 ◆). Auch Resynthesen aus Kreuzungen zwischen Yellow Sarson und Blumenkohl (120 und 121, ✦) weisen hohe mittlere Distanzen auf.

3.2 Agronomische Leistung

3.2.1 Variabilität in Ertrag und Ölgehalt

Die Ergebnisse der Varianzanalyse für die Merkmale Kornertrag und Ölgehalt sind für die beiden Versuchsjahre in den Tabellen 5 und 6 dargestellt. Entsprechende Tabellen für den Proteingehalt und die Wuchshöhe finden sich im Anhang (Tabelle 36 und 37). Erwartungsgemäß ist die genetische Varianz der Resynthesen für alle Merkmale deutlich größer als die Varianz beider Testkreuzungsserien. Die Testkreuzungen mit *Express* weisen für den Ertrag in beiden Jahren eine grössere Variation auf als die Testkreuzungen mit *Falcon*.
Die Versuchsstandorte übten einen hoch signifikanten Einfluss auf die Ausprägung aller erhobenen Merkmal aus. Auch die Interaktion der Einzelfaktoren (Hybriden x Orte) beeinflusste die Merkmalsausprägung für den Kornertrag und den Ölgehalt (1999 nur die Resynthesen) signifikant.

Tab. 5: Ergebnisse der Varianzanalyse für das Merkmal Kornertrag (1999 und 2000)

	Express x Resyn			*Falcon* x Resyn			Resynthesen		
1999									
Var. Ursache[a]	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp
Hybriden	39	67,8**	10,3	31	32,4	1,9	35	532,9**	102,6
Orte	4	2655,2**	66,0	4	2168,9**	67,1	4	2435,5**	67,1
H x O	153	16,4+	3,8	124	23,2**	9,2	138	19,7**	9,4
Fehler	97	12,6	12,6	108	13,9	13,9	95	10,3	10,3
2000									
Hybriden	48	13,1**	1,5	48	10,1*	0,7	35	153,3**	48,5
Orte	4	5962,2**	121,6	4	4672,4**	95,2	2	2402,8**	66,5
H x O	192	5,8**	2,4	192	6,6**	2,8	70	7,8+	2,5
Fehler	179	3,4	3,4	191	3,8	3,8	75	5,3	5,3

[a] H=Hybriden. O=Ort; *,** signifikant bei p=0.05 bzw. 0,01

Tab. 6: Ergebnisse der Varianzanalyse für das Merkmal Ölgehalt (1999 und 2000)

	Express x Resyn			*Falcon* x Resyn			Resynthesen		
1999									
Varianz-Ursache	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp
Hybriden	39	3,9**	0,9	31	4,9**	1,1	35	14,4**	3,3
Orte	3	115,2**	2,9	3	85,9**	2,7	3	79,1**	2,2
H x O	114	0,4	0,0	93	0,4	0,0	103	1,1**	0,5
Fehler	97	0,4	0,4	98	0,4	0,4	118	0,6	0,6
2000									
Hybriden	48	2,3**	0,5	48	2,5**	0,5	35	4,8**	0,8
Orte	3	131,0**	2,7	3	108,4**	2,2	2	32,4**	0,8
H x O	144	0,4**	0,2	144	0,5+	0,1	70	2,4**	1,8
Fehler	144	0,2	0,2	155	0,4	0,4	75	0,6	0,6

*,** signifikant bei p=0.05 bzw. 0,01

3.2.2 Charakterisierung der Resynthesen und derTester

Von den in den Testkreuzungen verwendeten Resynthesen konnten 44 ein- oder zweijährig in mehrortigen Leistungsprüfungen angebaut werden. Die dabei erfassten generativen Merkmale sind in Tabelle 7 dargestellt. Deutlich ist die sehr grosse Variation in allen Merkmalen. Viele resynthetisierte Formen zeigen einen geringen Samenansatz und auch die Anzahl Schoten je Pflanze variiert sehr stark. Das teilweise hohe Tausendkorngewicht ist auf die verringerte Anzahl Samen je Schote zurückzuführen. Eine Übersicht über die agronomische Leistung der Resynthesen gibt Tabelle 8.

Tab. 7: Phänotypische Merkmale und Standardabweichung der Resynthesen des Testkreuzungsprogramms. (Beobachtungsanbau 1999/2000)

	FG	TKG (g)	S/S§	S/P*	SL# (cm)
MIN		3,4	3,4	115,0	3,7
MAX		6,8	17,8	514,0	7,4
MW		4,7	10,7	270,8	5,5
σ	49	0,7	3,2	105,0	0,8

§ Samen/Schote, *Schoten/Pflanze, #Schotenlänge

Tab. 8: Agronomische Merkmale der 44 Resynthesen, die in den Leistungsprüfungen 1999 und/oder 2000 angebaut wurden.

Nr.	Jahr*	Resyn	Ertrag (dt/ha)	Öl (%)	Protein (%)	GSL (µmol/g)	C22-1 (%)	Höhe (cm)	Ertrag (% d. Stds.)
1	a	H48	40,9	39,3	21,2	55,3	0,8	146	85,1
2	a	G65	38,5	41,1	22,3	54,1	29,9	166	80,0
3	a	L239	38,2	39,7	22,1	44,4	0,9	177	79,5
4	a	S3	36,5	42,1	22,4	84,9	43,6	163	75,8
5	a	H149a	35,0	39,8	22,6	66,4	25,5	153	72,7
6	a	S12	34,1	39,9	21,6	47,2	1,2	170	70,8
7	a	H4	32,4	40,4	22,5	34,4	11,3	172	67,3
8	a	H94	30,8	39,3	21,6	67,5	0,4	157	64,1
9	a	H196	31,3	40,5	22,8	43,0	0,8	171	65,0
10	a	L16	32,0	40,5	23,0	54,7	19,6	161	66,4
11	a	G89	32,3	41,1	21,5	33,1	27,1	164	67,1
12	a	S13	31,4	41,7	21,8	81,9	47,6	162	65,2
13	a	S9	30,2	42,5	21,4	64,7	22,2	167	62,9
14	a	H143	30,4	39,1	23,7	52,7	0	157	63,3
15	a	R98	30,1	39,0	23,7	77,5	31,4	160	62,6
16	a	R53	29,1	41,8	22,2	44,8	29,7	160	60,5
17	a	S31	26,9	39,9	23,5	76,2	34,8	146	55,9
18	a	R59	27,2	39,8	23,0	78,6	42,4	155	56,5
19	a	H295	21,6	39,6	23,7	45,5	42,5	152	45,0
20	a	H280	21,5	39,1	23,1	69,0	0,8	150	44,6
		GD	2,6	1,6	0,9	7,8	5,9	8,1	9,5
		MW	48,1	43,0	19,5	16,6	0,4	162,5	100
21	b	H176	39,5	43,6	19,9	41,4	33,4	159	80,3
22	b	H30	36,8	40,9	20,6	59,4	24	148	74,8
23	b	H128	31,1	42	21,3	31,4	0,9	148	63,2
24	b	S27	30,4	39,9	21,8	44,8	25,1	141	61,8
25	b	H65	29,0	43,1	20,7	47,8	20,5	131	58,9
26	b	S35	27,0	40,9	21,6	39,9	0,8	142	54,9
27	b	H111/2	26,5	40,5	21,2	74,8	0	150	53,9
28	b	S29	20,5	42,5	21,9	65,1	29,7	151	41,7
29	b	H80/3	18,3	37,5	24	74,4	12	132	37,2
30	b	G39	14,7	39,6	21,5	51,1	3,5	135	29,9
31	b	H 165	10,9	38,6	23,2	58,4	13,1	121	22,2
32	b	K306	8,2	39,8	22,4	55,8	30,3	113	16,7
		GD	7,5	1,8	1,5	9,7	5,7	14,7	14,7
		MW	53,3	43,7	18,1	15,4	0,9	165,1	100
33	c	RS1/2	44,6	41	22,1	50,4	31,5	178	90,7
34	c	H226	36,1	41,9	22,6	41,2	36,3	160	73,4
35	c	H40	35,9	39,9	22,7	59,5	36,1	167	73,0
36	c	S30	35,2	39,8	22,5	45,2	13,7	164	71,5
37	c	R140	34,2	40,1	23,1	50,6	20,6	161	69,5
38	c	S101	32,9	40,9	23,9	59,4	42,3	168	66,9
39	c	H89	31,2	38,1	26,3	68,2	0,5	139	63,4
40	c	L35	28,8	41,5	23,6	33,4	41,8	167	58,5
41	c	R1	28,1	38,2	24,7	49,5	0,3	155	57,1
42	c	H113	27,2	40,9	24,1	86,9	34,5	161	55,3
43	c	R8	25,0	40,5	24,1	71,6	35,3	143	50,8
44	c	H219	15,4	38,7	24,4	42,9	0	141	31,3
		MW	46,3	42,2	20,8	17,9	0,2	159,9	100
		GD	4,5	2,5	1,3	5,9	2,9	10,2	9,8

*a= LP99+00, b=LP99, c=LP00

Wie bereits die Varianzanalyse ergab, zeigte sich in den Feldversuchen eine starke Variation in den agronomischen Eigenschaften der resynthetisierten Rapsformen. Abhängig von der Saatgutverfügbarkeit unterschied sich die Zusammensetzung des Resynthesesortiments in den Leistungsprüfungen beider Versuchsjahre. In Tabelle 8 wurden die Felddaten von zweijährig geprüften Resynthesen und die Werte von Linien, die nur in einem der Versuchsjahre angebaut wurden zusammengefasst. Ein Vergleich von Daten, die in unterschiedlichen Jahren erhoben wurden, wird durch einen Bezug der Absolutwerte auf das Mittel der Standards der jeweiligen Versuche ermöglicht. In Tabelle 8 bezieht sich der relative Ertrag der Resynthesen auf den Mittelwert der vier Standardsorten der jeweiligen Versuche (MW Stds.). Im Mittel beider Versuchsjahre erzielen die Resynthesen einen Kornertrag von 60% der Standards. Für die zweijährige Auswertung (8 Umwelten) erzielten die Resynthesen H48 und G65 mit 85 und 80% die höchsten Erträge. Im Jahr 1999 (5 Orte) fiel insbesondere die Linie H176 durch hohe Ertragsleistungen auf. Im Jahr 2000 (3 Orte) erzielte mit RS1/2 eine Resyntheselinie 90% des Mittels der Standardsorten und übertraf mit 44,6 dt/ha die Vergleichssorte Falcon (vergl. Tab. 31 im Anhang). Für die Resynthesen konnte ein geringerer Ölgehalt (93,5%) und ein höherer Proteingehalt (116%) im Vergleich zu den Standardsorten festgestellt werden.

Für die mehrortig geprüften Resynthesen sind die wichtigsten Merkmalskorrelationen in Tabelle 9 angegeben. Erwartungsgemäß sind Öl- und Proteingehalt negativ miteinander korreliert. Bemerkenswert sind jedoch die relativ enge positive Korrelation zwischen Ölgehalt und Ertrag, sowie die stark negative Korrelation zwischen Proteingehalt und Ertrag.

Tab. 9: Phänotypische Korrelationskoeffizienten für 44 Resynthesen der Leistungsprüfungen

	Ölgehalt[1]	Protein Gehalt[1]	C22-1-Gehalt[2]	GSL-Gehalt[2]	Wuchshöhe[1]
Ertrag[1]	0,53**	-0,72**	0,12	-0,13	0,74**
Ölgehalt[1]		-0,71**	0,54**	-0,13	0,61**
Protein-Gehalt[1]			-0,21	0,20	-0,70**
C22-1-Gehalt[2]				0,28	0,17
GSL-Gehalt					-0,19

[1]in Prozent der Standards des jeweiligen Versuchs, [2] absolute Werte

Die agronomischen Eigenschaften der beiden Tester Express und Falcon sind in Tabelle 10 dargestellt. Nach Auswertung aller Versuche (2 Jahre, 8 Umwelten und 3 Versuchsserien) konnten beide Linien gut charakterisiert werden. Express hat einen fast 2 % höheren Ölgehalt und eine um 20 cm geringere Wuchshöhe als Falcon. Im Protein- und Glucosinolatgehalt unterscheiden sich die beiden Sorten nicht signifikant.

Tab. 10: Agronomische Eigenschaften der beiden Tester Express und Falcon

	Ölgehalt (%)	Proteingehalt (%)	GSL-Gehalt (µmol/g)	Wuchshöhe (cm)
Express	44,0 a	19,9 a	15,5 a	148 a
Falcon	42,2 b	19,8 a	15,7 a	166 b

*Werte innerhalb einer Spalte mit gleichem Buchstaben unterscheiden sich nicht signifikant bei p=0,05, (t-Test)

3.2.3 Hybridleistung und Heterosis

Tabelle 11 gibt einen Überblick über den Ertrag der einzelnen Versuche an den verschiedenen Standorten. In beiden Jahren waren die Erträge in Göttingen am grössten und in Thüle am niedrigsten. Das Jahr 1999 war an allen Orten mit Ausnahme von Hohenlieth günstiger als das Jahr 2000. In der Regel zeigten erwartungsgemäß die *Express*-Hybriden ein höheres Ertragsniveau als die *Falcon*-Hybriden. Dabei ist aber zu beachten, dass die Versuchsserien in nebeneinanderliegenden Versuchen angebaut wurden und daher nicht direkt vergleichbar sind. Mittelwerte der Prüfglieder der jeweiligen Teilversuche sind für den Ertrag, Qualitätseigenschaften und die Wuchshöhe in den Tabellen 30 bis 35 des Anhangs zusammengefasst.

Tab. 11: Vergleich der Mittelwerte für den Kornertrag der drei Teilversuche an den fünf Standorten.

Jahr	Versuch	Thüle	Göttingen	Einbeck	Teendorf	Hohenlieth
1999	Ex-Hybr.	33,1 a	56,1 b	44,7 c	44,4 c	45,9 c
	Fa-Hybr.	36,7 a	57,8 b	39,2 c	42,5 d	42,2 d
	Resyn	22,5 a	44,6 b	28,8 c	28,3 c	29,5 c
2000	Ex-Hybr.	26,6 a	53,5 b	38,5 c	34,7 d	49,7 e
	Fa-Hybr.	26,5 a	52,4 b	37,8 c	38,5 c	46,4 d
	Resyn		39,4 a		24,4 b	37,4 c

*Werte innerhalb einer Zeile mit gleichem Buchstaben unterscheiden sich nicht signifikant bei p=0,05, (t-Test)

Die Hybridleistung (in Prozent der Standards) und Heterosis der Testkreuzungen sind in Tabelle 12 dargestellt. In der Hybridleistung spiegeln sich die Unterschiede in der Eigenleistung der beiden Tester wider. Die *Express*-Hybriden haben im Mittel höhere Erträge, einen höheren Ölgehalt und eine geringere Wuchshöhe als die *Falcon*-Hybriden. In der mittleren Heterosis unterscheiden sich die beiden Testkreuzungsserien kaum und innerhalb beider Serien gibt es zwischen den einzelnen Hybriden eine sehr große Variation für die Größe der Heterosis.

Tab. 12: Hybridleistung und relative Heterosis von F1-Hybriden beider Testkreuzungsserien (n=100)

	Express-Hybriden				*Falcon*-Hybriden			
	Ertrag	Ölgehalt	Protein gehalt	Wuchs-höhe	Ertrag	Ölgehalt	Protein gehalt	Wuchs-höhe
Hybridleistung (%)								
min	80,9	95,2	103,5	99,64	89,9	92,8	99,7	102,4
max	117,8	102,8	120,4	109,5	112,8	102,3	113,2	112,7
MW	103,9	98,6	107,9	104,2	103,1	97,4	105	107,2
Heterosis (%)								
min	-3,5	-1,9	-13,4	2	2,6	-2,0	-16,8	0,5
max	47,2	4,6	3,8	20,3	44,9	6,0	1,9	20,4
MW	22,3	0,49	-2,5	8,6	23,9	1,65	-4,0	7,0

Der Vergleich der Hybriderträge in den beiden Testkreuzungsserien ist in Abbildung 8 dargestellt. Die beiden Testkreuzungsserien sind hochsignifikant miteinander korreliert (r=0,5). Etwas mehr als die Hälfte aller Resynthesen übertraf in Kombination mit beiden Testern das Mittel der Standardsorten. Besonders auffallend ist die Resynthese H48, die in beiden Testkreuzungsserien die besten Erträge erbrachte. Bei anderen Resynthesen dagegen weichen die relativen Erträge der Kreuzungen mit den beiden Testern erheblich voneinander ab.

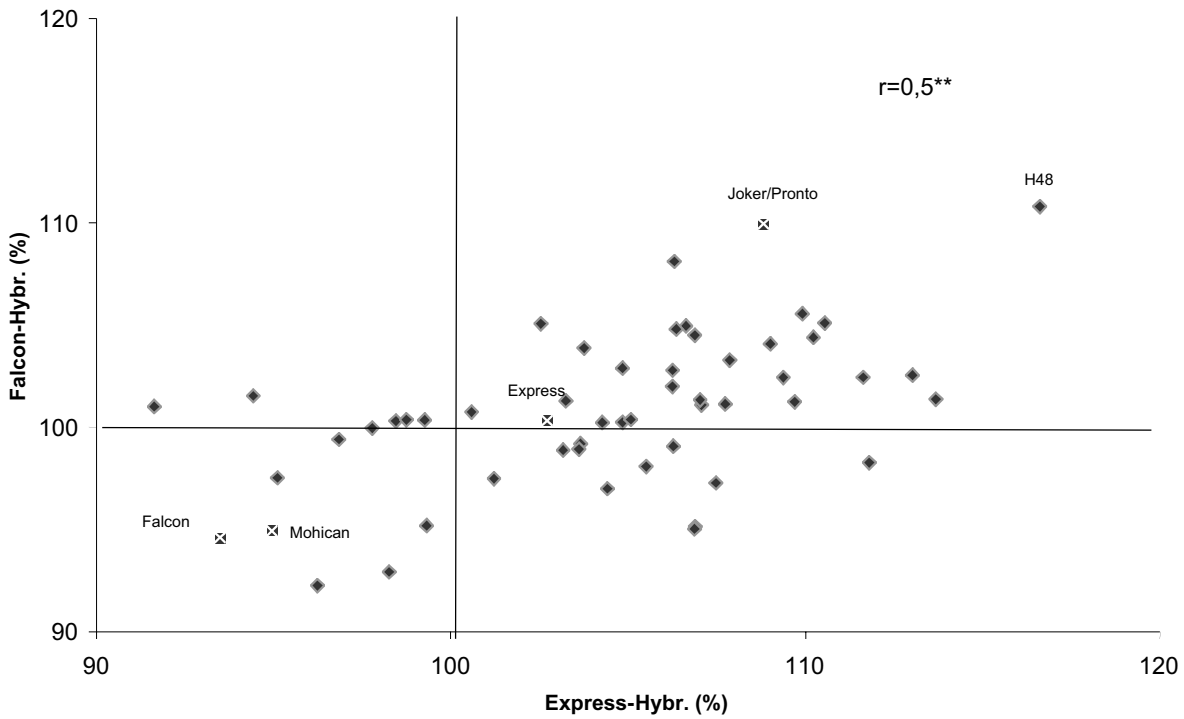

Abb. 8: Korrelation der Relativerträge beider Testkreuzungsserien (n = 100, 100% = Mittel der Standards)

Hybridertrag, Elternmittel und Heterosis sind graphisch für die *Express*-Hybriden in Abbildung 9 und für die *Falcon*-Hybriden in Abbildung 10 dargestellt. Alle Werte sind dabei auf das Mittel der Standardsorten bezogen. Es ist deutlich, dass in beiden Testkreuzungsserien das Ausmaß an Heterosis sehr variabel ist. Besonders groß ist die Heterosis häufig bei Resynthesen mit niedriger Eigenleistung wie z. B. für die Kombination von Resynthese K306 mit beiden Testern. Daher gibt es zwischen der Eigenleistung der Resynthesen und der Hybridleistung fast keinen Zusammenhang: selbst sehr leistungsschwache Resynthesen können in Kombination mit *Falcon* oder *Express* sehr ertragreiche Hybriden produzieren. Die absolute und relative Leistungsfähigkeit für ausgesuchte Merkmale der einzelnen Testkreuzungen ist in den Tabellen 38 bis 41 des Anhangs aufgeführt.

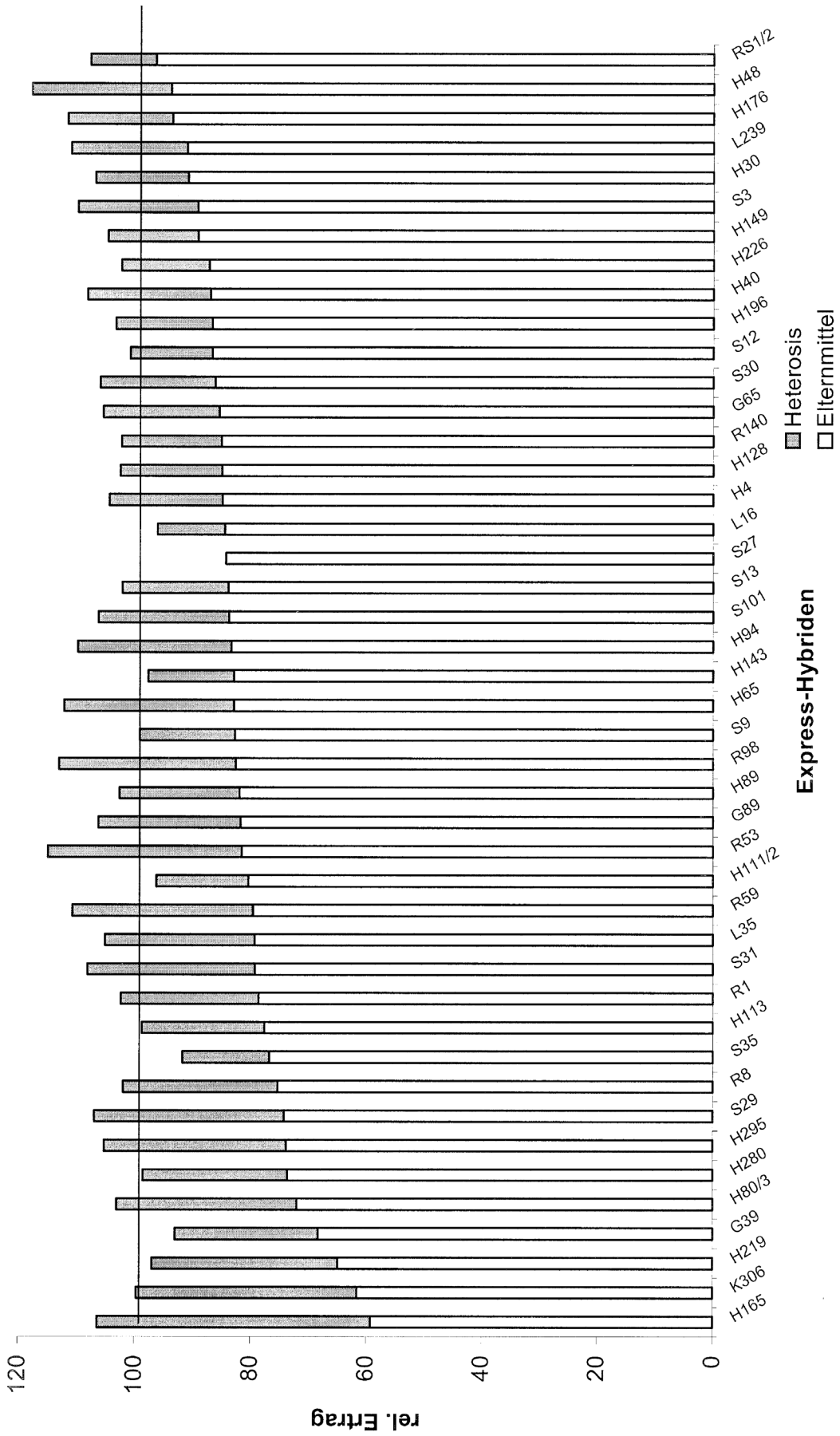

Abb. 9: Hybridertrag, Elternmittel und Heterosis von 44 Express x Resynthese Testkreuzungen (100% = Mittel d. Stds.)

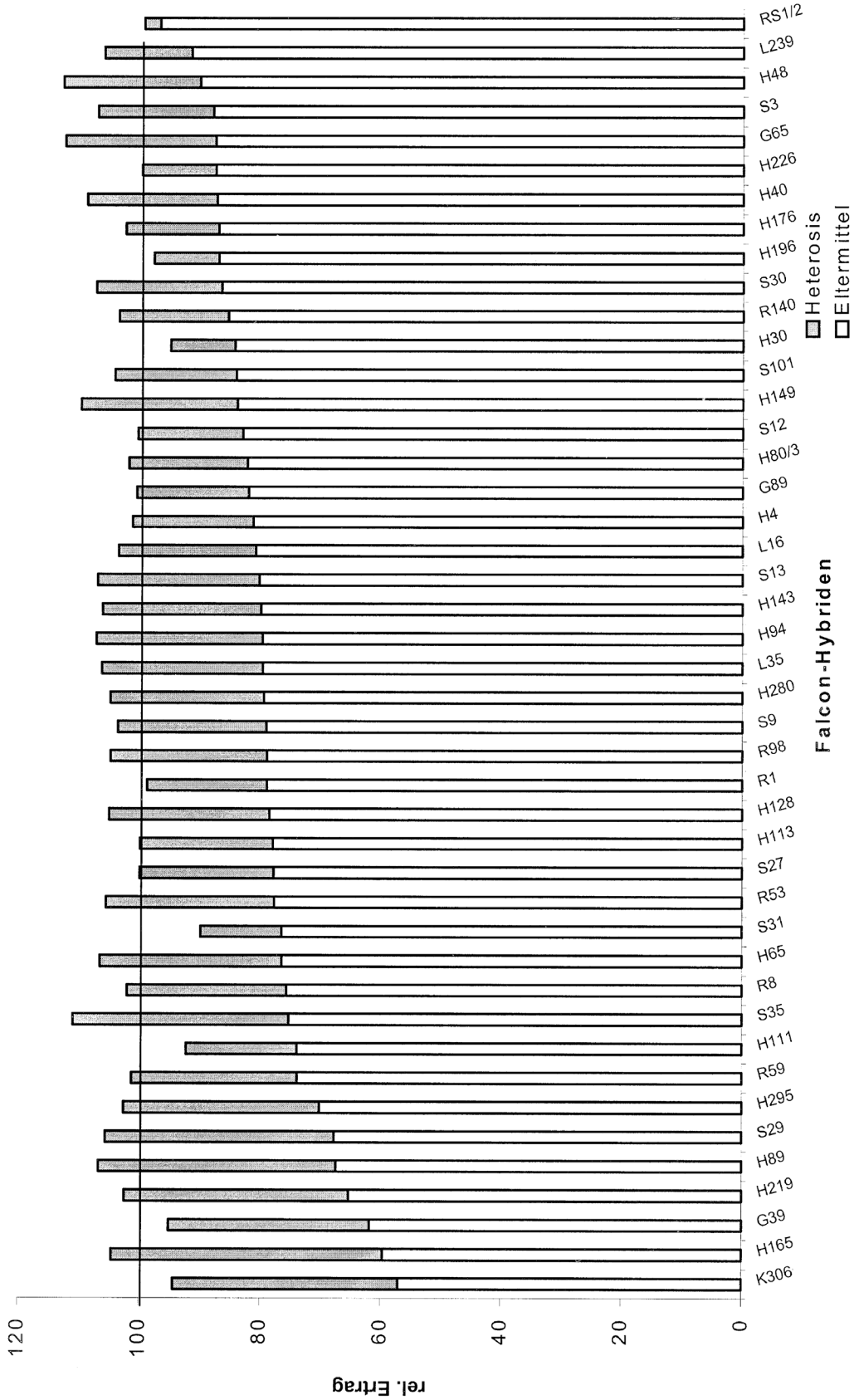

Abb. 10: Hybridertrag, Elternmittel und Heterosis von 44 Falcon x Resynthese Testkreuzungen (100% = Mittel d. Stds.)

In Kreuzungen mit Resynthesen ist nicht unbedingt eine enge Korrelation zwischen genetischer Distanz und Heterosis zu erwarten, da Resynthesen in vielen agronomischen Eigenschaften nicht angepasst sind. Eine an sich gute Kombinationsfähigkeit für den Ertrag kann überdeckt werden durch Mängel in anderen Eigenschaften. Es wurde daher die Heterosis an der Biomasse junger Pflanzen erfasst (Tab. 13). Für die Blatt-, Wurzel und Gesamttrockenmasse an Jungpflanzen aus einem Kulturversuch im Gewächshaus konnten signifikante Unterschiede zwischen den Eltern und den Hybriden sowie eine mittlere Heterosis von 5 bis 14% für die einzelnen Merkmale der Kreuzungen mit *Express* erfasst werden.

Tab. 13: Trockenmasse 6 Wochen alter Rapspflanzen (g/Pflanze)

Material	N	Blatt	Wurzel	Gesamt
Resynthesen	50	1,88	0,25	2,13
Express	1	1,75	0,30	2,05
Express x Resyn	50	2,07	0,33	2,40
GD (0,05)		0,08	0,01	0,08
Heterosis*		5,0	14,0	6,1

* in % des Elternmittels

Der Vergleich der beiden Testkreuzungsserien lässt sich auch anhand der relativen Größe von allgemeiner (GCA) und spezifischer (SCA) Kombinationsfähigkeit darstellen. Eine unterschiedliche Hybridleistung mit den beiden Testern führt dabei zu einer Variation in der spezifische Kombinationsfähigkeit. Die relative Größe der Varianzkomponenten ist in Tabelle 14 angegeben. Die beiden Versuchsjahre unterscheiden sich in ihren Ergebnissen sehr stark und werden daher einzeln dargestellt. Im Jahr 1999 trat bei allen Merkmalen eine signifikante SCA auf, die allerdings deutlich kleiner war als die GCA. Im Jahr 2000 dagegen waren bei keinem der Merkmale signifikante SCA-Effekte zu beobachten. Bei der zweijährigen Verrechnung ist bei allen Merkmalen die GCA der Resynthesen die wichtigste Varianzursache; sie erklärt immer über 70 % der gesamten genetischen Varianz. Die vollständigen Varianzanalysen der beiden Versuchsjahre für das Merkmal Samenertrag gibt Tabelle 42 im Anhang des Berichtes.

Tab. 14: Beitrag der genetischen Varianz der Varianzkomponenten der Tester, Resynthesen und Tester x Resynthese zur gesamten genotypischen Varianz der Hybriden für ausgewählte Eigenschaften.

Merkmal	GCA_{Resyn}	GCA_{Tester}	$SCA_{(TesterxResyn)}$
Samenertrag			
1999	65,6 **	0,0	34,4 *
2000	93,0 **	7,0 +	0,0
1999 + 2000	78,7 +	0,0	21,3
Ölgehalt			
1999	64,2 **	30,8 **	5,0* *
2000	68,4 **	31,0 **	0,6
1999 + 2000	71,6 **	26,7 +	1,7
Proteingehalt			
1999	76,0 **	0,0	24,0 *
2000	58,2 **	24,7 **	17,1
1999 + 2000	100,0 **	0,0	0,0
Wuchshöhe			
1999	70,8 **	0,0	29,2 *
2000	37,1 **	55,9 **	7,0
1999 + 2000	71,3 *	0,0	28,7 +

+,*,** signifikant bei p= 0,10, 0.05 bzw. 0,01 ns = nicht signifikant

In Tabelle 15 sind die Resynthesen mit den grössten GCA-Effekten zusammengestellt. Resynthese H48 zeigt eine Kombinationseignung, die im Mittel beider Jahre das Versuchsmittel um 10,2% (4,3 dt/ha) übertrifft. In den meisten Fällen konnten positive GCA-Effekte aus 1999 auch in 2000 nachgewiesen werden.

Tab. 15 Schätzwerte der allgemeinen Kombinationseignung für das Merkmal Samenertrag (nur positive Effekte der jeweiligen Versuchsjahre mit Werten > 0,9 %)

	1999			2000			1999 +2000	
Resynthese	GCA (dt/ha)	GCA (%)	Resynthese	GCA (dt/ha)	GCA (%)	Resynthese	GCA (dt/ha)	GCA (%)
H48	6,53	14,79	H48	2,47	6,09	H48	4,33	10,18
R98	3,11	7,04	L239	1,48	3,65	R98	1,89	4,44
H65	2,74	6,20	S30	1,43	3,53	H65	1,70	4,00
H94	1,81	4,10	H196	1,22	3,01	H94	1,12	2,63
H176	1,74	3,94	L35	1,21	2,98	S30	1,04	2,45
S29	1,39	3,15	S31	1,17	2,89	S29	0,39	0,92
H113	1,30	2,94	R98	1,01	2,49			
S30	0,99	2,24	H65	1,00	2,47			
			H231	0,94	2,32			
			S3	0,92	2,27			
			H40	0,89	2,20			
			H94	0,77	1,90			
			S13	0,37	0,91			
			H89	0,37	0,91			

Die Beziehungen zwischen Elternmittel, genetischer Distanz, Heterosis und Hybridleistung sind in Tabelle 16 dargestellt. Auch wenn die Höhe der Korrelationen merkmalsabhängig ist, zeigen grundsätzlich alle Merkmale übereinstimmend positive Beziehungen der Hybridleistung sowohl zum Elternmittel als auch zur Heterosis. Elternmittel und Heterosis dagegen sind untereinander mittel bis stark negativ korreliert. Die Heterosis für den Ertrag zeigte mit r=-0,67 und r=-0,83 hochsignifikante, negative Korrelationen zum Elternmittel. Während für die Express-Testkreuzungen keine enge Beziehung der genetische Distanz der Eltern zur Hybridleistung oder Heterosis auftrat, war die Heterosis für den Ertrag der Falcon-Testkreuzungen mit r=-0,36 signifikant negativ mit der genetischen Distanz korreliert. In dieser Materialgruppe zeigte sich ferner eine starke negative Beziehung zwischen der genetischen Distanz der Eltern und der Heterosis für den Ölgehalt (r=-0,52). Der Proteingehalt war hingegen positiv mit der

Distanz der Elternlinien korreliert. Eine positive, jedoch nicht sehr starke Beziehung zur genetischen Distanz konnte für die Heterosis des Merkmals Biomassemasse der Hybriden des Gewächshausversuchs berechnet werden.

Tab. 16: Korrelation zwischen Hybridleistung (HL) oder Heterosis (Het) und dem Elternmittel (EM), und der genetischen Distanz (GD) der Eltern

Merkmal	EM		GD		HET	
	Express-Hybriden	*Falcon*-Hybriden	*Express*-Hybriden	*Falcon*-Hybriden	*Express*-Hybriden	*Falcon*-Hybriden
Hybridleistung Ertrag	0,34*	0,28	-0,10	-0,23	0,46**	0,32*
Heterosis für Ertrag	-0,67**	-0,83**	-0,16	-0,36*		
Hybridleistung Ölgehalt	0,69**	0,60**	-0,01	-0,22	0,50**	0,44**
Heterosis für Ölgehalt	-0,28	-0,46**	-0,10	-0,52**		
Hybridleistung Proteingehalt	0,65**	0,32*	-0,12	-0,02	0,22	0,58**
Heterosis für Proteingehalt	-0,60**	-0,59**	0,28	0,42**		
Hybridleistung Wuchshöhe	0,44**	0,28	-0,18	0,03	0,13	0,25
Heterosis für Wuchshöhe	-0,83**	-0,86**	-0,03	0,09		
Hybridleistung Trockenmasse§	0,77**		0,17		0,45**	
Heterosis für Trockenmasse§	-0,25		0,04			

*,** signifikant bei p=0.05 bzw. 0,01
§ Gewächshausversuch

Die Beziehungen der genetischen Distanz zur Hybridleistung und zur Heterosis über beide Testkreuzungsserien sind in den Abbildungen 11 und 12 dargestellt. Da für sechs Resynthesen keine Distanzwerte ermittelt wurden und für sechs weitere keine Informationen zur Heterosis vorliegen, unterscheiden sich die beiden Datensätze der Abbildungen etwas.

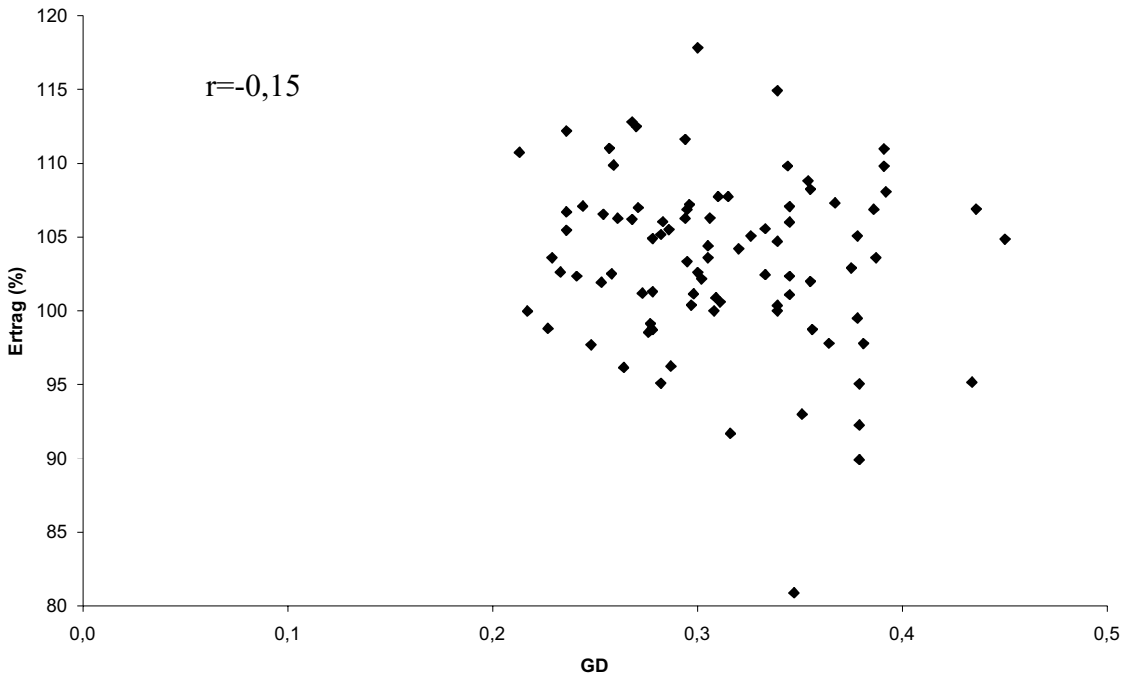

Abb. 11 Beziehung zwischen dem Ertrag der Hybriden und der genetischen Distanz (GD) (n=88)

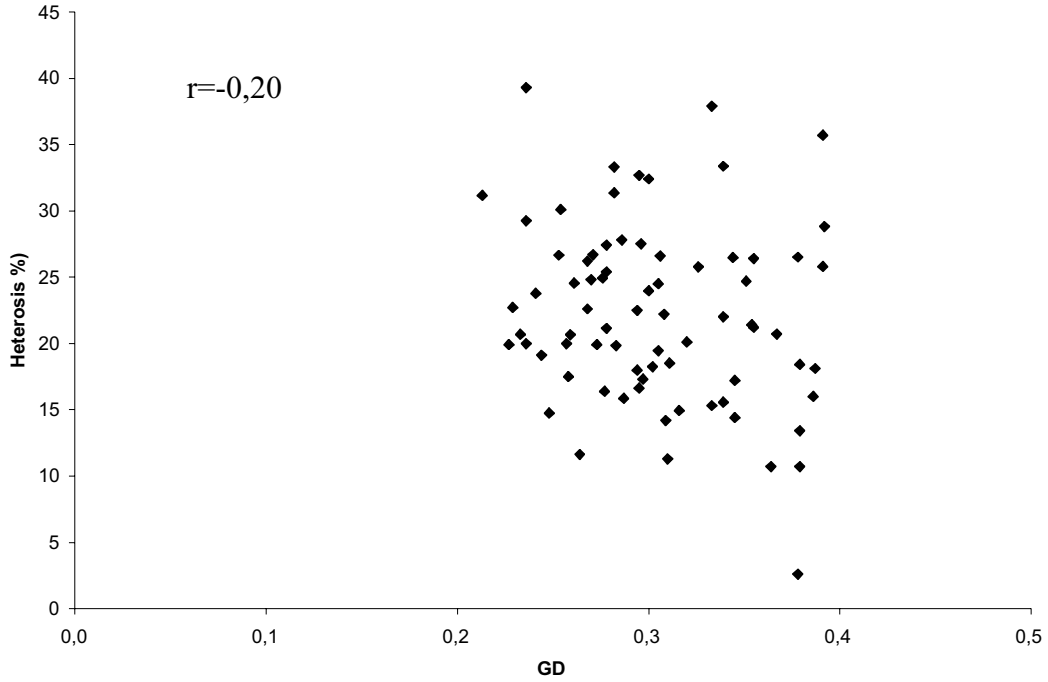

Abb. 12 Beziehung zwischen der Heterosis für den Ertrag und der genetischen Distanz (GD) (n=76)

Für die allgemeine Kombinationseignung der Resynthese-Väter konnte eine enge Beziehung zur Hybridleistung ermittelt werden. Diese Korrelation war mit r=0,84 für die Testkreuzungen mit Express deutlich enger als für die Testkreuzungserie mit Falcon (r= 0,38) Für alle Testkreuzungen mit beiden Testern (n=100) konnte eine weniger enge Korrelation (r=0,63) zwischen GCA und Hybridleistung beobachtet werden. Diese lineare Beziehung konnte mit einem Bestimmtheitsmaß von B=0,43 einen Grossteil der Variation für die Hybridleistung erklären. Unter Einbeziehung der Distanzwerte in eine multiple lineare Regression konnte mit B=0,45 nur eine geringe Verbesserung der Anpassung erreicht werden. Die Korrelation zwischen den nach dieser Funktion geschätzten, und den tatsächlichen Samenerträgen von 100 Testkreuzungen betrug r=0,67 (Abb.13)

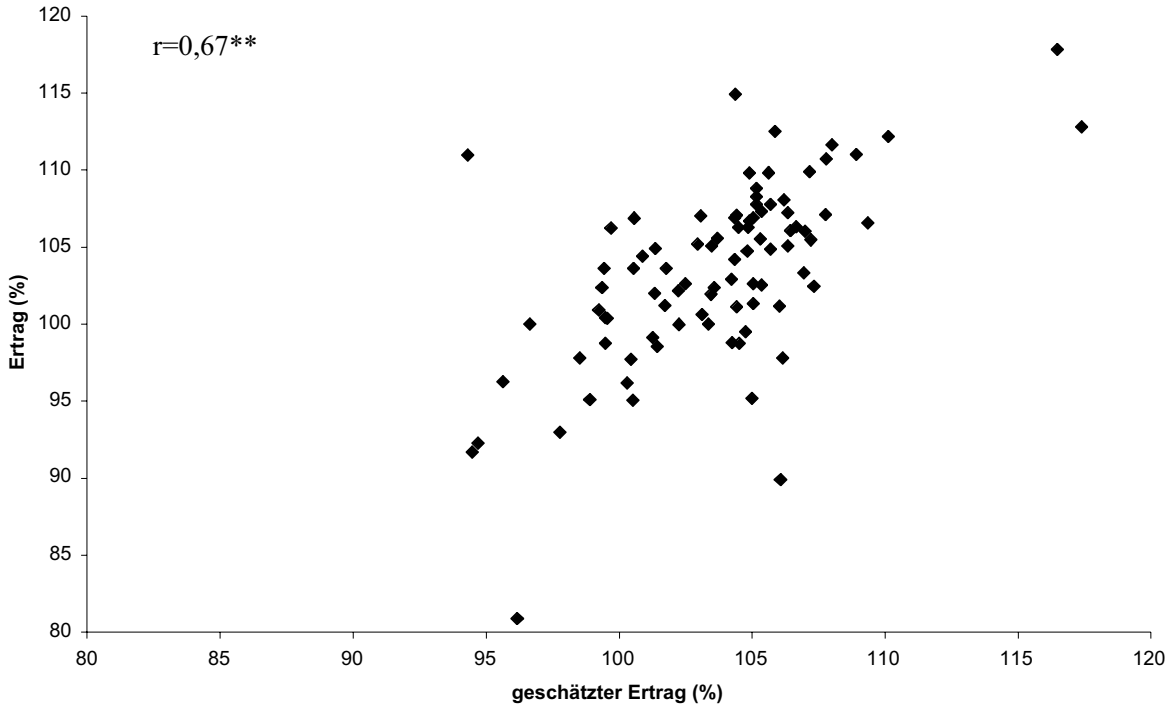

Abb. 13: Beziehung zwischen dem Samenertrag der Hybriden und dem nach multipler linearer Regression der allgemeinen Kombinationseignung (GCA) und der genetischen Distanz (GD) vorhergesagtem Hybridertrag

4 Diskussion

Bestimmung genetischer Distanzen mit molekularen Markern

Grundsätzlich ist die Untersuchung von genetischen Distanzen mit unterschiedlichen Markertypen (RFLP, RAPD, AFLP, SSLP) möglich. In dem hier dargestellten Projekt wurden RFLP verwendet, da für diesen Markertyp besonders informative Sonde-Enzym-Kombinationen mit einem hohen Polymorphiegrad verfügbar waren (KNAAK 1996). Durch die Verwendung solcher besonders informativer Sonden, die das Genom weitgehend abdecken, konnte die Anzahl benötigter Sonden erheblich reduziert werden. Mit zunehmendem Markerumfang steigt jedoch die Verlässlichkeit der Distanzwerte an. Wie KNAAK (1996) nach Vergleich der Distanzwerte, die mit unterschiedlichem Markerumfang ermittelt wurden, zeigt, ist bei wiederholter Auswertung von 150 polymorphen Banden mit einer Veränderung der mittleren Distanz um einen Betrag von 0,05 zu rechnen. Ein Variationskoeffizient von 10% der mittleren genetischen Distanz konnte bei einer Anzahl von 300 polymorphen Banden unterschritten werden. Weitere Untersuchungen zum Einfluss der Anzahl polymorpher Loci auf die Varianz der Distanzwerte von Winterraps zeigten, dass der Variationskoeffizient der Distanzwerte bei einem Einsatz von 20 bis 30 Sonde-Enzym-Kombinationen einen Wert von 0,2 unterschreitet (HALLDÉN et al. 1994). Ähnliche Ergebnisse erzielten DOS SANTOS et al. (1994) in einer Untersuchung zur Diversität von 45 *B. oleracea* Genotypen. Für einen Markerumfang von 55 RFLP-Banden wurde für die Distanzwerte ein Variationskoeffizient von 10% errechnet. Für den Markerumfang der vorliegenden Arbeit liegt nach den Ergebnissen von KNAAK (1996) die Fehlerwahrscheinlichkeit der Distanzwerte bei ca. 15% der mittleren genetischen Distanz. Neben der Anzahl der Marker wird die Aussagekraft einer RFLP-Untersuchung durch die Zusammensetzung des Sortiments der zu analysierenden Genotypen beeinflusst. In dieser Arbeit zeigte sich deutlich der geringere Polymorphiegrad innerhalb des Winterrapses im Vergleich zu der Anzahl polymorpher Marker in den Resynthesen. Auch der Vergleich der Ergebnisse zu KNAAK (1996) belegte, dass für einzelne SEK zusätzliche Allele nachgewiesen werden konnten, bzw. dass in Winterraps monomorphe Banden für Resynthesen einen Polymorphismus zeigten (Tab. 28). Neben theoretischen Überlegungen kann die Verlässlichkeit einer Distanzanalyse empirisch durch die Position von Rapssorten mit bekannter Distanz im Dendrogramm beurteilt werden. Ein Vergleich der Gruppierung der 57 untersuchten Sorten in der Clusteranalyse zeigte eine gute Übereinstimmung mit den verfügbaren Pedigreeinformationen.

Da für RFLP-Analysen eine umfangreiche Laborausstattung und eine aufwendige, kostenintensive Analytik erforderlich sind, ist diese Methode zur Bestimmung genetischer Distanzen nicht sehr gut für die praktische Anwendung auf Zuchtstationen geeignet. Auch sind relativ grosse Mengen an DNA in guter Qualität erforderlich. Die Verwendung radioaktiver Isotope und der hohe zeitliche Aufwand zur Untersuchung einer grossen Zahl an Genotypen führte zur Entwicklung alternativer Markertypen. Da die Vererbung bestimmter Markertypen (dominant oder codominant) für Diversitätsanalysen zwischen Genotypen eine untergeordnete Bedeutung zukommt, sind solche Untersuchungen generell mit allen verfügbaren Markerklassen möglich. Entscheidend für die Auswahl des Markertyps sollte die leichte Anwendbarkeit, ein hoher Polymorphiegrad bei gleichzeitig guter Auswertbarkeit der Bandenmuster und eine gleichmässige Verteilung im Genom der zu untersuchenden Art sein. Auch die Automatisierbarkeit des Analyseverfahrens spielt eine entscheidende Rolle. Zur Untersuchung der genetischen Diversität innerhalb von Raps wurden in den letzten Jahren verschiedene Markertypen eingesetzt. Eine Übersicht über Verwandtschaftsanalysen in *B. napus* unter Berücksichtigung des Markertyps gibt Tabelle 17.

Verfahren, die auf dem Einsatz der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) basieren, benötigen weniger DNA (im ng-Bereich) und sind daher bereits in sehr frühen Entwicklungsstadien der Pflanzen einsetzbar. Die Untersuchungen sind schnell und mir geringem Aufwand in jedem Labor anwendbar. Aufgrund der hohen Automatisierungsmöglichkeit der Analytik sind diese Methoden für einen hohen Probenumfang besser geeignet als RFLPs. In den letzten Jahren wurden verschiedene PCR-gestützte Markertypen in der praktischen Züchtung zur markergestützten Rückkreuzung gekoppelter Eigenschaften und zur Sortenidentifizierung etabliert. Einen kostengünstigen, und mit geringem Laboraufwand nutzbarer Markertyp stellt die RAPD-Methode (Random Amplified Polymorphic DNA) nach WILLIAMS et al. 1990 dar. FÖRSTER und KNAAK (1995) fanden in einer Untersuchung von 21 Winterrapsgenotypen, mit r=0,87 eine enge Korrelation zwischen den nach dem Koeffizienten von JACCARD (1908) geschätzten genetischen Distanzen einer RAPD-Analyse und RFLP-Daten, die nach DICE (1945) estimmt wurden. Die Anwendung des Distanz-Koeffizienten nach Jaccard führte zwar zu höheren mittlere genetischen Distanzen (0,47 zu 0,29), resultierende Dendrogramme stimmten mit Ausnahme weniger Genotypen jedoch überein. Auch HALLDÉN et al. (1994) fanden eine gute Übereinstimmung zwischen RFLP, RAPD und Abstammungsdaten von 3 eng verwandten Sommerrapssorten. Diese Ergebnisse weisen datrauf hin, dass RAPDs durchaus verlässliche Informationen zur Einteilung und Charakterisierung des Pflanzenmaterials liefern.

Tab. 17: Diversitätsuntersuchungen innerhalb von *Brassica napus* L.

Autor	Jahr	Markertyp	Anzahl Genotypen	Anzahl Marker	Polymorphe Marker-
DIERS & OSBORN	1994	RFLP	83	161	3,7/SEK
BECKER et al.	1995	RFLP	41	355	7/SEK
KNAAK	1996	RFLP	168	841	3,7/SEK
LEE et al.	1996	RFLP	62	60	15/SEK
GIRKE	2002	RFLP	199	129	5,5/SEK
MAILER et al.	1994	RAPD	23	23	3,8/Primer
FÖRSTER & KNAAK	1995	RAPD	21	296	4,4/Primer
RIAZ et al.	2001	SRAP	22	118	6,6/Primer-kombination
CHARTERS et al.	1996	SSR	19	44	22/Primer
LOMBARD et al.	2000	AFLP	83	324	19,1/Primer-kombination
RUDOLPH	2001	SSR	38	296	3,7 Allele/Locus

Da RAPD-Analysen jedoch häufig nicht reproduzierbar sind, werden RAPD-Marker zunehmend in sogenannte Sequence Characterized Amplified Regions (SCAR-Marker, PARAN und MICHELMORE 1993) oder Sequence Related Amplified Regions (SRAP-Marker, LI und QUIROS 2001) umgewandelt. Dies erfordert jedoch die Sequenzierung der durch die RAPD-Analyse amplifizierten Genorte. Zusätzlich müssen für die Enden dieses DNA-Fragments längere, spezifische Primer synthetisiert werden. Der Einsatz solcher verbesserter RAPD–Marker ist für die markergestützte Selektion auf gekoppelte Merkmale von Bedeutung (LIU et al. 1999). 22 Zuchtstämme konnten von RIAZ et al. (2001) mit 18 SRAP Primer-Kombinationen in 3 heterotische Gruppen aufgeteilt werden. Die Gruppierung der untersuchten Genotypen in einer Clusteranalyse entsprach den Abstammungsdaten der Linien.

Als weiterer Markertyp ist die AFLP –Methode (Amplified Fragment Length Polymorphism, VOS et al. 1995) geeignet die intraspezifische Diversität in Raps aufzuzeigen. Mit einer geringen Anzahl von Primerkombinationen kann eine Vielzahl polymorpher Marker amplifiziert werden. Durch den Einsatz lasergestützter Analysemethoden und entsprechender Software zur Auswertung der Amplifikationprodukte, erlaubt dieser Markertyp die gleichzeitige Analyse von vielen Genotypen. Durch die erforderlichen Restriktions-, und

Ligationsschritte vor der PCR ist dieses Verfahren zeitaufwendiger als RAPDs, liefert pro Analyse jedoch eine höhere Anzahl Marker. LOMBARD et al. (2000) belegen, das Rapssorten mit wenigen Primerkombinationen identifizierbar sind. So konnten mit zwei Primerkombinationen 83 Sorten eindeutig identfiziert werden. Bis zu 30 polymorphe Marker pro Primerkombination (im Mittel 19,1 pro Primerkombination) belegen den hohen Informationsgewinn, den diese Methode ermöglicht.

Die von LAGERCRANTZ et al. (1993) beschriebenen Mikrosatellitenmarker stellen für die meisten Anwendungszwecke den zur Zeit vielversprechensten Markertyp in der Pflanzenzüchtung dar. Mikrosatelliten (Simple Sequence Repeats) bestehen aus einer Einheit von 1 bis 6 Basenpaaren, die sich mehrfach im Genom wiederholen. In *B. napus* treten sie ungefähr alle 29 kb auf und bilden damit eine umfangreiche Basis zur Gewinnung von PCR-Markern. SSRs sind hochgradig automatisierbar und daher für sehr umfangreiche Analysen mit vielen Genotypen geeignet. Da jeweils nur ein Genort erfasst wird, sind SSR-Marker auch leicht auswertbar. Allerdings ist die Entwicklung von SSR Primern sehr aufwendig und mit hohen Kosten verbunden (RUDOLPH 2002). Für den Raps wurden inzwischen einige Hundert SSR-Marker entwickelt und bilden die Grundlage für verschiedene Anwendungsbereiche in der Pflanzenzüchtung. Unter Berücksichtigung einer stetig zunehmenden Zahl verfügbarer Primerpaare wird dieser Markertyp unter anderem zur Identifizierung abgeleiteter Sorten und zur Gewinnung eng gekoppelter Marker in "marker assisted selection" (MAS)-Programmen eingesetzt. In Untersuchungen zur genetischen Diversität bei *B. napus* konnte RUDOLPH (2002) 38 Rapsgenotypen bereits mit 25 SSR-Primerpaaren eindeutig identifizieren. FÖRSTER et al. (1999) konnten mit 48 SSR-Primerpaaren 68 Rapssorten bestimmen. Die gefundenen Gruppierungen bestätigten die genetische Struktur im Zuchtmaterial wie sie von KNAAK (1996) für RFLPs beschrieben wurde und belegen die Eignung dieses Markertyps zur Ermittlung genetischer Distanzen bei *B. napus*.

Genetische Diversität von Resynthesen und Rapssorten

Hinweise auf die grosse genetische Distanz von Resynthesen zu Winterraps fanden sich in mehreren Diversitätsstudien. Doch enthielten die meistem Untersuchungen nur wenige resynthetisierte Rapsformen (DIERS und OSBORN 1996, SONG und OSBORN 1992). Erstmalig wurde von BECKER et al. (1995) ein grösseres Spektrum resynthetisierter Linien in

einer RFLP-Studie mit konventionellem Zuchtmaterial verglichen. Mit einer mittleren Genetischen Distanz von 0,35 konnte für die Mehrzahl der Resynthesen eine grosse genetische Verschiedenheit vom Zuchtmaterial dokumentiert werden. Das in dieser Arbeit untersuchte umfangreiche Resynthesematerial wies eine mittlere genetische Distanz von 0,36 auf und unterschied sich hinsichtlich molekularer Marker eindeutig von Sommer- und Winterraps, was die von BECKER et al. (1995) nachgewiesene grosse Diversität dieser Formen bestätigt. Innerhalb des Resynthesematerials konnten keine Gruppen identifiziert werden, die sich, entsprechend der Winterrapssorten, in eindeutig abgrenzbare Cluster mit geringen mittleren Distanzen zu den anderen Mitgliedern dieser Gruppe einordnen liessen. Vielmehr zeigen alle Resynthesen, bis auf wenige Formen, die auf die gleiche interspezifische Kreuzung zurückgehen, grosse mittlere genetische Distanzen untereinander auf. Eine eindeutige Clusterung entsprechend ihrer Kohl- bzw. Rübseneltern konnte nicht beobachtet werden. Innerhalb des Resynthesematerials konnten von BECKER et al. (1995) und VOSS et al. (1998) Sommer- von Winterformen unterschieden werden. Nach den eigenen Ergebnissen stellen die Linien in den Gruppen V bis VIII in Abb. 6 mit mittleren genetischen Distanzen von 0,39 Sommertypen dar und lassen sich von den weiteren Winter-Resynthesen abgrenzen. Diese Linien gehen häufig auf Kreuzungen mit asiatischen *B. rapa* (ssp. *pekinensis*, ssp. *chinensis*) oder einjährigem Ölrübsen (ssp. *oleifera*, ssp. *trilocularis*) sowie anuellen *B. oleracea*–Formen wie var. *botrytis*, var. *italica* oder *B. alboglabra* zurück.

Dieser grosse Unterschied zwischen Resynthesen und konventionellen Linien hinsichtlich molekularer Marker lässt vermuten, dass (a) der natürlich entstandene Raps auf andere diploide Ausgangsformen zurückgeht als die resynthetisierten Formen oder, dass (b) in der Evolution des Rapses die beiden vereinigten diploiden Genome modifiziert wurden. SONG et al. (1988) konnten nach interspezifischer Kreuzung verschiedener *Brassica*-Arten nachweisen, dass in den resultierenden Amphidiploiden eine Modifizierung insbesondere für das Kerngenom des Pollenelters auftritt. Die Autoren führen diese Veränderung auf Interaktionen der cytoplasmatischen Genome der Mutter mit dem Kerngenom des Vaters zurück. Auch eine RFLP-Analyse der Kern-DNA zeigte eine engere Beziehung der resynthetisierten Formen zu ihren diploiden Eltern, als sie zwischen natürlichem Raps und Rübsen, bzw. Kohl beobachtet wurde. RFLP-Untersuchungen der maternal vererbten Chloroplasten- (cp) und Mitochondriengenome (mt) deuten auf eine polyphyletische Entstehung von *B. napus* hin. SONG und OSBORN (1992) konnten vier verschiedene Cytoplasmen, und so auch vier verschiedene Hybridisierungsereignisse, im Raps identifizieren. Für *B. rapa* konnten nach

molekularen Markern zwei verschiedene cp-Genome (A-Typ und S-Typ) und drei mt-Genomvarianten (A-, A1- und S-Typ) identifiziert werden. Die Organellengenome von *B. oleracea* konnten von *B. rapa* klar unterschieden werden und wurden als C-Typ bezeichnet. Für neu synthetisierte Rapsformen konnte eine Übereinstimmung der RFLPs von Kern- und Organellen-DNA mit den Genomen ihrer diploiden Ausgangseltern beobachtet werden. In Kreuzungen aus beiden Arten trat entsprechend der Kreuzungsrichtung das cytoplasmatische Genom des diploiden Elters auf (z.B. AA oder CC). Für die meisten konventionellen Rapssorten wurde jedoch eine übereinstimmende, sowohl von *B. oleracea* als auch von *B. rapa* abweichende Struktur der Mitochondrien- (N-Typ) und Chloroplastengenome (M-Typ) nachgewiesen. Die RFLP-Muster der Chloroplasten–DNA im Raps entsprechen nach RFLP-Daten denen von *B. montana,* einer n = 9 Wildart, und die Mitochondrien-DNA der meisten Sorten entspricht einem intermediären Typ zwischen *B. rapa* mit S-Typ und *B. montana* (M-Typ). Für die natürlichen Rapssorten mit M/N Cytoplasma wird nach diesen Erkenntnissen eine Enstehung durch eine oder wenige Kreuzungen, in denen eine verwandte Art von *B. rapa* oder *B. oleracea* mit n = 9 oder 10 Chromosomen der maternale Cytoplasma-Donor war angenommen. Auch nach RFLP-Analysen mit genomischen Sonden konnten SONG und OSBORN (1992) in einer Hauptkoordinatenanalyse resynthetisierte *B. napus* (AA- und CC-Cytoplasma) Formen klarer von Rapssorten abgrenzen als z.B. Kohlrübensorten (*B. napus ssp. napobrassica,* M/N-Cytoplasma).

Die meisten untersuchten Resynthesen dieser Arbeit liegen ausserhalb der drei identifizierten Hauptgruppen und weisen auch grosse genetische Distanzen untereinander auf. Einige Linien zeigten jedoch geringe mittlere Distanzen zu Winterraps. So bilden die Resynthesen S3 bis S16 und S101 (Gruppe I und II, Abb. 7) zwei Cluster mit geringen mittleren Distanzen zu Winterraps. Die Nähe dieser Resynthesen zu Winterraps und auch die Position der Resynthesen 122 und 129 innerhalb der Sommerrapssorten stimmt mit den Ergebnissen von BECKER et al. (1995) überein, die mit einem grösseren Markerumfang erstellt wurden. Von den 50 Resynthesen des Testkreuzungsexperiments sind 14 Resynthesen erucasäurearm oder spalten im Feldanbau für dieses Merkmal. Eine Gruppierung der Resynthesen bezüglich ihrer Qualitätseigenschaften kann nach der Clusteranalyse jedoch nicht beobachtet werden.
So clustern 0+-Resynthesen teilweise zusammen mit Winterraps (22, 88 und 99), andere Linien (1, 13) weisen hingegen grosse mittlere Distanzen zu Winterraps auf. Wenn Resynthesen grosse Ähnlichkeit zu Winterraps besitzen, dann kann eine Ursache darin liegen, dass besonders stark selbststerile Linien im Feldanbau trotz Isolierung des Blütenstandes eher

zu Auskreuzung neigen. Die Vermehrung der Resynthesen erfolgte im Feld durch die üblichen Crispack-Tüten, die nicht völlig pollendicht sind. Bei partiell selbstinkompatibelen Resynthesen ist es möglicherweise zu ungewöhnlich vielen unerwünschten Einkreuzungen aus erucasäurefreien Nachbarparzellen gekommen. Auch wird bei der Erhaltung dieser Linien im Feld stark auf Fertilität selektiert, so dass die ursprüngliche, selbstinkompatible Resynthese durch wiederholten Feldanbau sukkzessive verdrängt, bzw. verändert wird. Als Beispiel sind hier die Resynthesen 13 (H128), 18 (H231) und 23 (H357) zu nennen, welche von AHMADI (1988) als stark selbstinkompatibel beschrieben wurden und nach Tütenselbstung praktisch keinen Samenansatz zeigten. Nach den eigenen Ergebnissen enthält die Linie H128 keine Erucasäure im Samenöl und da sie nicht auf eine erucasäurearme Rübsenform zurückgeht, handelt es sich bei dieser Linie wahrscheinlich um ein Kreuzungsprodukt mit konventionellem Raps. Da die Mehrzahl der untersuchten Resynthesen bereits zu Beginn der 80er Jahre in Göttingen entwickelt wurden und die Herkünfte von der FU Berlin noch älter sind, ist für viele Linien eine Veränderung der ursprünglichen Resynthese nach wiederholtem Feldanbau nicht auszuschliessen.

Das untersuchte Zuchtmaterial lies sich in die Formenkreise Sommer-, Winter,- und asiatischer Raps unterteilen. Diese Aufteilung wurde bereits in verschiedenen Studien zur genetischen Diversität nachgewiesen (BECKER et al. 1995, KNAAK 1996, LOMBARD et al. 2000). Die mit r=0,83 enge cophenetische Korrelation zwischen den Distanzenwerten der 57 Rapssorten und der errechneten mittleren genetischen Distanz im Dendrogramm (Abb. 3) weist auf eine verlässliche Datenbasis zur Beurteilung der genetischen Diversität im untersuchten Material hin. Die mittlere genetische Distanz der Winterrapssorten stimmt mit GD=0,21 mit den geschätzten Distanzen von BECKER et al. (1995) sowie DIERS & OSBORN (1994) überein, die ein ähnlich strukruriertes Material mit RFLP-Markern untersuchten. Auffallend ist der mit einer GD von 0,33 grosse Unterschied der alten Landsorte "Mansholts Hamburger Raps" zu allen weiteren Winterrapssorten. Diese, zu Beginn des 20. Jahrhunderts in den Niederlanden entwickelte Sorte, hatte wegen ihrer geringen Winterfestigkeit für die Winterrapszüchtung nur eine geringe Bedeutung. Die meisten anderen Winterrapssorten gehen auf Selektionen aus alten Populationssorten wie "Lembkes Raps" oder z.B. "Janetzki" (RÖBBELEN 1985) zurück.
Die geringe genetische Ähnlichkeit von Sommer- zu Winterraps (GD=0,35) weist auf eine getrennte Bearbeitung beider Formenkreise in der Pflanzenzüchtung und einen geringen Austausch von genetischem Material hin. Zwar wurden die Gene für Erucasäurefreiheit (aus der deutschen Sommerrapssorte "Liho") und niedrigen Glucosinolatgehalt (aus der polnischen

Sommerrapssorte "Bronowski") aus Sommerraps in Winterraps überführt, doch bedingen die unterschiedlichen klimatischen Bedingungen der Anbauländer von Sommer- bzw. Winterraps eine Bearbeitung unterschiedlicher Zuchtziele. Diese grundsätzliche Einteilung der Sorten in Sommer-und Winterraps konnten LEE et al. (1996) bereits nach Auswertung von 38 polymorphen RFLP-Fragmenten nachweisen.

Die chinesischen Linien konnten als einheitliche Gruppe in allen drei Clusteranalysen ausgewiesen werden. Das Material leitet sich von Populationssorten aus Europa und Sorten aus England ab (BECKER et al. 1999) wurde jedoch wahrscheinlich wiederholt mit verschiedenen Formen von *B. rapa*, die schon lange in China zur Gemüse- und Ölproduktion genutzt wurden, gekreuzt. (SERNYK 1999). Die Hauptkordinatenanalyse (Abb.4) positioniert die Sorten "Italy" und "Xiangyou11" zwischen Winter- und Sommerraps. Für "Italy" deutet der Name bereits auf einen europäischen Ursprung dieser Linie hin und "Xiangyou11" ist die einzige untersuchte chinesische Form mit 00-Qualität, welche aus europäischen Sommerrapssorten stammt und in chinesisches Material eingekreuzt wurde.

Leistungsprüfungen mit resynthetisiertem Raps

Eine Schwierigkeit bei der Beurteilung von Resynthesen im Feldversuch liegt darin, daß teilweise starke Lagerneigung, ein grösserer Krankheitsbefall und bei einigen Formen ein abweichender Blühbeginn die agronomische Leistung negativ beeinflussten. Diese Effekte traten an den Versuchsstandorten in unterschiedlicher Ausprägung auf. Die umweltbedingte Variation in der Leistung der Resynthesen wird durch die stark unterschiedlichen Erträge an den einzelnen Standorten dokumentiert. Auffallend sind die höheren Kornerträge der Resynthesen in Göttingen verglichen mit den vier weiteren Orten (Tab. 7). Für Göttingen kann von einem relativ geringen Befallsdruck durch pilzliche Schaderreger ausgegangen werden. Auch eine vergleichsweise geringere Infektion mit dem Wasserrübenvergilbungsvirus (TuYV) konnte für Göttingen nachgewiesen werden (Dr. Graichen, pers. Mitteilung). Zusätzlich erfolgte nur in Göttingen eine Behandlung der drei Versuchsserien mit einem Fungizid, so dass der Ort Göttingen als "Gesundlage" den weiteren Versuchsstandorten gegenüber gestellt werden kann.

Ein Vergleich des Standorts Göttingen mit den anderen Orten zeigt auch, dass die Differenz der Erträge der jeweiligen Testkreuzungsserien geringer ist als die Ertragsdifferenz der Resynthesen. So konnte an den Orten Einbeck, Teendorf und Hohenlieth eine mittlere Leistung der Express-Hybriden von 80% des Ertrages dieser Testkreuzungsserie am Standort Göttingen

beobachtet werden. Ein Vergleich der gleichen Orte zeigt, dass die Resynthesen an den anderen Orten nur 65% des Ertages am Standort Göttingen erreichen. Diese Differenz von 15% weist auf die ungenügenden Resistenzeigenschaften im Resynthesesortiment hin.

Bei Prüfung von relativ schwachwüchsigen Resynthesen in einem Versuch zusammen mit Hybriden würden starke Konkurrenzeffekte zwischen den Parzellen die Hybriden stark bevorteilen und die Leistung der Resyntheseformen würde als zu niedrig eingeschätzt. Um solche Probleme auszuklammern, wurden Resynthesen und Testhybriden in getrennten Versuchsserien geprüft. Um die drei Versuchsserien miteinander vergleichen zu können, wurden vier Standardsorten, unter anderem die beiden Tester in fertiler Version, in die jeweiligen Versuche eingegliedert. Im Teilversuch "Resynthesen" konnte eine eindeutige Bevorteilung der beiden Sorten *Express* und *Falcon* gegenüber ihrer Leistung in den Hybrid-Versuchsserien beobachtet werden. Die Kurzstrohsorte *Express* reagierte mit einer Ertagsminderung von bis zu 2,9t (Tab. 18) auf einen Anbau innerhalb der Testhybriden-Prüfung im Vergleich zur Resynthese-Prüfung. Für die Berechnung der Heterosis wurde in dieser Arbeit daher die Leistung der Sorten-Eltern aus dem Mittelwert beider Versuchsserien (Resynthesen und Hybriden) gebildet.

Tab. 18: Einfluss der Versuchsserie auf den Samenertrag der beiden Tester

Versuchsserie	*Express* (dt/ha)	*Falcon (dt/ha)*	MW[3]
Express-Hybriden[1]	42,0	38,3	40,2 a
Falcon-Hybriden[1]	41,6	39,3	40,4 a
Resynthesen	44,5	40,7	43,2 b
MW	42,7	39,4	

[1] Mittelwert aus 2 Jahre x 5 Orte, [2] Mittelwert aus 8 Umwelten,
[3] Werte mit gleichen Buchstaben unterscheiden sich nicht bei p=0,05 (t-Test)

Versuche zur Untersuchung des Ertragspotenzials von Sommerrapshybriden von BUTRUILLE et al. (1999) zeigen deutliche Konkurrenzeffekte zwischen Eltern und Hybriden, wenn sie ohne ausreichende Trennung der Parzellen in einem Versuch nebeneinander angebaut wurden. Eine durchschnittliche Hybridleistung von 370 % des Elternmittels wurden nach Veränderung der Versuchsanlage in zwei folgenden Jahren auf eine Hybridleistung von 134 und 117 % der

Leistung der Linien reduziert. Durch das gewählte Versuchsdesign kann für die Ergebnisse unserer Untersuchung eine Überschätzung der Heterosis durch eine Unterbewertung der Eltern weitestgehend ausgeschlossen werden.

Heterosis und Hybridleistung

In beiden Testkreuzungsserien konnte eine grosse Variation für die Grösse der Heterosis für den Kornertrag ermittelt werden. Mit durchschnittlich 22,3, bzw. 23,9% des Elternmittels konnten etwas höhere Werte beobachtet werden, als bei Testkreuzungen zwischen europäischen Winterrapssorten. LÉON (1991) und KNAAK (1996) beobachteten eine Heterosis im Kornertrag von 15, bzw. 16,9%. LEFORT-BUSON et al. (1987) konnten für Winterrapshybriden zwischen europäischen Linien eine Heterosis von 12%, für Hybriden aus europäischen und asiatischen Linien von 39,5% beobachten. Die sowohl in den Versuchen von LEFORT-BUSON et al. (1987) als auch in der vorgelegten Arbeit ermittelten hohen Heterosiswerte für einige Kreuzungen (bis zu 47%) sind in der Regel durch sehr niedrige Erträge einer Elternlinie, und so eines stark reduzierten Elternmittels bedingt. Dieser Effekt tritt bei nicht-angepasstem Material auf und daher lässt die Grösse der Heterosis nur eingeschränkt auf die Leistungsfähigkeit der Hybride rückschliessen. Ein Vergleich der Testkreuzungen mit den vier Standardsorten ermöglicht hingegen eine realistische Einschätzung des Ertragspotenzials der untersuchten Hybriden. Hier konnten mehrere Resyntheselinien identifiziert werden, die insbesondere in Kreuzungen mit Express, Erträge auf dem Niveau der mitgeprüften konventionellen Hybridsorten erzielten. Dies deutet an, dass bereits innerhalb einer relativ geringen Zahl schwach selektierter Resynthesen günstige Allele für ertragsbeeinflussende Eigenschaften gefunden werden können.

In wiederholten Experimenten konnte für Winter- und auch Sommerraps ein Zusammenhang zwischen der genetischen Distanz der Eltern und der Heterosis bzw. der Leistung der F1 Generation für das Merkmal Kornertrag beobachtet werden. So konnten DIERS et al. (1996) mit r=0,58 zwar eine Beziehung zwischen der genetischen Distanz der Eltern und dem Hybridertrag in Sommerraps nachweisen, eine Beziehung zwischen der genetischen Distanz und der Heterosis wurde jedoch nicht gefunden. Dagegen fand KNAAK (1996) mit r=0,72 eine enge Beziehung zwischen der Distanz der Eltern und der Heterosis in der F1-Generation, jedoch konnte er keinen linearen Zusammenhang der GD-Werte zur Hybridleistung feststellen. RIAZ et al. (2001) beobachteten eine hohe Heterosis für Sommerraps-Hybriden und auch eine

enge Beziehung der genetischen Distanz zur Heterosis (r=0,63) und auch zum Hybridertrag (r=0,64).

Unter Annahme einer positiven Beziehung zwischen genetischer Distanz und Heterosis oder Hybridleistung für den Ertrag, und einer grossen genetischen Distanz von Resynthesen zu Winter- und Sommerraps, konnte für Hybriden aus Sorten und Resynthesen eine Steigerung der Heterosis gegenüber Winterrapshybriden vermutet werden. Eine Zusammenhang zischen genetischer Distanz und der Heterosis konnte in der vorliegenden Arbeit nicht festgestellt werden. Ein Vergleich mit den Arbeiten von DIERS et al. (1996) und KNAAK (1996) zeigt, dass der Zusammenhang zwischen der Distanz der Eltern und der Heterosis oder der Hybridleistung, nur unter Einbeziehung von Kreuzungen, die eine geringe genetische Distanz aufweisen, erhalten bleibt. Bei Berücksichtigung dieser intra-pool Hybriden mit einer geringen Distanz der Eltern (GD<0,2) wurden stets signifikante Korrelationen der Heterosis bzw. des Hybridertrags mit der genetischen Distanz gefunden. Häufig beruht diese Beziehung jedoch nur auf wenigen Datenpunkten. Für die eigenen Ergebnisse ist aufgrund der Markerinformation davon auszugehen, dass ausschliesslich inter-pool Hybriden bewertet wurden. Für Hybriden aus Sommerraps und Resynthesen (GIRKE et al. 2000) wurde ebenfalls keine signifikante Korrelation der Heterosis mit der genetischen Distanz der Hybrideltern gefunden. Auch hier wurden keine Kreuzungen zwischen Linien mit Distanzen unter 0,2 in die Untersuchung einbezogen. Eine nur schwache Korrelationen zwischen der Hybridleistung bzw. Heterosis und der genetischen Distanz zwischen den Eltern konnte auch für Mais (MELCHINGER et al. 1990), Weizen (MARTIN et al. 1995) und Reis (ZHANG et al. 1995) festgestellt werden.

Für einen schwachen oder fehlenden Zusammenhang zwischen genetischer Distanz und Heterosis werden verschiedene Gründe diskutiert (Übersicht bei MELCHINGER 1999). Unter Annahme einer negativen linearen Beziehung zwischen dem Grad der Verwandtschaft der Eltern und der Heterosis, ergeben Untersuchungen, die sowohl Kreuzungen zwischen verwandten Linien, intra-pool Kreuzungen und auch inter-pool Hybriden umfassen, für verschiedene Kulturarten signifikante Korrelationen zwischen der genetischen Distanz und der Heterosis. Werden hingegen nur bestimmte Kreuzungen untersucht (z. B. nur inter-pool) verschwindet dieser Zusammenhang. Da in der vorliegenden Arbeit keine Kreuzungen zwischen verwandten Linien vorgenommen wurden, bestätigt die fehlende Korrelation die Ergebnisse aus anderen Kulturarten.

Ein weiterer Grund für einen fehlenden Zusammenhang zwischen genetischer Distanz und der Heterosis liegt nach theoretischen Überlegungen (CHARCOSSET et al. 1991) darin, dass die eingesetzten Marker zur Berechnung der Distanz keine Beziehung zu ertragsbeeinflussenden Genen aufweisen. Auch kann der Markerumfang einen Einfluss auf die Korrelation ausüben, wie KNAAK (1996) nach Vergleich verschiedener RFLP-Markersets belegen konnte. Dagegen spricht, dass diese fehlende Beziehung auch für Hybriden aus Resynthesen und Sommerraps beobachtet wurde (GIRKE et al. 2000), obwohl in dieser Untersuchung mit 354 RFLP-Banden eine geringere Fehlerwahrscheinlichkeit für die berechneten Distanzen erwarten lässt. Als weitere Ursache für das Fehlen einer Beziehung zwischen Heterosis und genetischer Distanz führen MOLL et al. (1965) das Überschreiten einer kritischen Distanz an, ab der es z. B. zu Fertilitätsstörungen wegen meiotischer Störungen auf der Hybride kommen kann. Diese Theorie kann nach den eigenen Ergebnissen nicht völlig verworfen werden, da einerseits Fertilitätsstörungen auf der Resyntheseseite auftreten können, andererseits mit r=-0,36 eine schwach-negative Beziehung der genetischen Distanz zur Heterosis für die Testkreuzungserie mit Falcon festgestellt wurde. Auch durch die Wirkung weniger sogenannter Subletalgene (mangelnde Winterfestigkeit, nicht adaptierter Blühzeitpunkt) wird die relative Heterosis im Vergleich zum Elternmittel überschätzt und erschwert es, eine Beziehung zwischen genetischer Distanz und Heterosis zu erkennen. Insbesondere für das Merkmal Kornertrag ergibt sich eine starke Beeinflussung durch solche Gene. Da Subletalgene häufig rezessiv vererbt werden, tritt ihr Effekt in der Hybride nicht mehr auf. Dies kann dann zu einer sehr hohen Heterosis führen. Da die Resynthesen nur am Standort Göttingen auf agronomische Leistung im Vorfeld dieses Projekts selektiert wurden, sind solche Effekte wahrscheinlich nicht erkannt worden. Bei der Prüfung an den 5 Versuchsstandorten zeigten die deutlich geringeren Relativerträge der Resynthesen (Tab. 11) im Vergleich zu Göttingen, dass die Resynthesen bei suboptimalen Anbaubedingungen (höherer Infektionsdruck, extremere klimatische Bedingungen) eine geringe Ertagsstabilität besitzen. Da diese, häufig monogen gesteuerten Effekte nicht durch die RFLP-Marker erfasst werden, können Linien mit ähnlichen Distanzen aufgrund der Wirkung dieser Subletalgene stark variierende Heterosiswerte erzielen. BECKER und ENGQVIST (1995) konnten eine signifikante Beziehung der genetischen Distanz der Eltern zur Heterosis für die Blatttrockenmasse von 6 Wochen alten Rapspflanzen aufzeigen. Für dieses Merkmal ist die Auswirkung ungünstiger Allele für Resistenzeigenschaften oder andere, den Ertrag negativ beeinflussende Merkmale, von geringerer Bedeutung. Daher wurde in der vorliegenden Arbeit, neben den Ertragsprüfungen, auch in einem früheren Stadium die gesamte Biomasse der Pflanze beurteilt. Dies erfolgte an Jungpflanzen, die unter kontrollierten Bedingungen in im

Gewächshaus angezogen wurden. Für dieses Merkmal wurde jedoch auch kein Zusammenhang zur genetischen Distanz festgestellt. Allerdings konnte eine enge Korrelation des Elternmittels mit der Hybridleistung (r=0,77) beobachtet werden.

Nachhaltige Leistungssteigerungen der Hybridzüchtung erklären sich nach Zusammenfassung einer Vielzahl von Versuchen (BECKER 1984, DUVICK 1999) nicht aus einer vergrösserten Heterosis, sondern eher indirektaus der zunehmenden Intensität und Effizienz der Selektion zur Verbesserung der Elternleistung, also der homzygoten Basis. Demnach sollte eine züchterische Bearbeitung der Resynthesen zu einer insgesamt grösseren Hybridleistung führen. Die eigenen Ergebnisse zeigen, dass mit den Resynthesen H48, H176, L239 und RS1/2 (Tab. 4) insbesondere solche Linien zu einer hohen Hybridleistung führen, die auch die grössten Eigenleistungen erreichen. Mit r=0,88 wurde in Kreuzungen zwischen Resynthesen und Sommerraps (GIRKE et al. 2000) eine enge Korrelation der Eigenleistung mit der Hybridleistung gefunden. Testkreuzungen mit den Sommer-Resynthesen 122 und 129 (S2 und S20), die für die mit einer GD von 0,27 zusammen mit Sommerraps clustern (Abb. 7) zeigten in dieser Untersuchung die höchste Eigenleistung, eine hohe Heterosis und auch die höchste Hybridleistung. Diese Linien stellen nach den Markerinformationen sicherlich keine reinen Resynthesen mehr dar, sondern müssen als Kreuzungsprodukte mit Zuchtmaterial angesehen werden. Da die Winter-Resynthesen H48 und L239 erucasäurefrei sind und für die Linien H176 und RS1/2 nach morphologischen Merkmalen eine Einkreuzung von Zuchtmaterial angenommen werden kann, scheint eine Modifizierung des Resynthesegenoms durch angepasstes Material eine Steigerung der Hybridleistung zu bewirken. Dieser Zusammenhang konnte bereits von KRÄLING (1987) bestätigt werden. Ein Vergleich von Hybriden aus Resynthesen und Sorten (Einfachhybriden) mit Dreiwege-Hybriden ([ResynthesexSorte] x Sorte) zeigte eine deutliche Steigerung des Einzelpflanzenertrags und der Samenfertilität bei einer Reduktion des Resynthese-Genomanteils in der Hybride auf 25%. Nach SCHNELL (1974) kann für solche Kreuzungen davon ausgegangen werden, dass erwünschte Kopplungsgruppen erhalten bleiben und andererseits positive Interaktionseffekte mit dem Resynthesegenom auftreten können. Die Bedeutung der agronomischen Leistung der Hybrideltern wurde von FRAUEN und BAER (1996) für die Hybridzüchtung bei Winterraps dokumentiert. Die Autoren zeigten, dass Kreuzungen aus Linien mit guten Resistenzeigenschaften, guter Standfestigkeit und ausreichender Winterhärte zwar relativ weniger Heterosis erzielen, jedoch absolut eine höhere Hybridleistung erreichen.

Nutzbarkeit von Resynthesen in der Rapszüchtung/Genpoolkonzept

Durch die in dieser Arbeit bestätigten genetischen Unterschiede zwischen den Formenkreisen Sommer-, Winter- und asiatischer Raps, können diese Materialgruppen als komplementäre Genpools zur Herstellung von leistungsfähigen inter-pool Hybriden verwendet werden. Unter Annahme, dass die innerhalb der jeweiligen Formenkreise existierenden genetischen Unterschiede für die Bildung von Genpools zu gering seien, wurde von (BUTRUILLE et al. (1999) die Verwendung von Winterraps als komplementärer Genpool für Sommerraps untersucht. Unterschiede in der Frosttoleranz oder dem Vernalisationsbedarf erschwerten bisher jedoch die Nutzung bestehender Formenkreise als Genpools für die Hybridzüchtung. Erst durch die erfolgreiche Kartierung eines den Blühbeginn/Vernalisationsbedarf regulierenden Majorgens und mehrerer Minorgene in einer DH-Population aus einer Sommerraps-Winterraps-Kreuzung (Ferreira et al. 1995) erschliesst sich die Möglichkeit einer markergestützten Selektion auf Genotypen mit einem hohem Anteil des Winterraps-Genoms bei gleichzeitigem Blühverhalten von Sommerraps. Hybriden aus Sommerrapssorten und DH-Linien dieser Kreuzung mit dem Sommerrapsallel für den Blühzeit-Locus und einem geschätzten Winterrapsgenomanteil zwischen 21 und 74 % erzielten in mehrjährigen Versuchen höhere Erträge als Sommerrapshybriden (BUTRUILLE et al. 1999).

Für die Entwicklung von Hybridwinterraps ist die Nutzung von Linien der Formenkreise Sommerraps oder asiatischer Raps durch die geringe Winterhärte dieser Herkünfte jedoch erschwert. Mit Resynthesen können hingegen Formen mit einer grossen genetischen Distanz bei gleichzeitig guter Adaption an europäische Klimabedingungen als Komponenten für Winterraps-Hybriden dienen. BECKER und ENGQVIST (1995) schlugen die Bildung von komplementären Resynthese-Genpools jeweils für Sommer- und Winterraps vor. Zur kontinuierlichen Verbesserung der Ausgangspopulationen schlagen die Autoren das Verfahren der rekurrenten Selektion vor. Durch wiederholte Selektion auf allgemeine Kombinationseignung und Rekombination der selektierten Linien kann so weniger angepasstes Material für die Hybridzüchtung erschlossen werden. Nach den Ergebnissen dieser Arbeit wären besonders Linien mit einer hohen allgemeinen Kombinationseignung als Ausgangspopulation für die rekurrente Selektion geeignet. Zur Aufrechterhaltung der genetischen Variation ist es erforderlich, gelegentlich neues Material in die bestehende Population einzukreuzen (BECKER 1993). Hierfür wären unter anderem sekundäre Resynthesen einsetzbar. Die bisher erwähnten Resynthesen gehen unmittelbar auf die Kombination einer Kohl- mit einer Rübsenpflanze zurück, und sind danach durch Selbstung weiter vermehrt und erhalten worden. Neben der Verwendung solcher Original-Resynthesen

wäre es auch denkbar, Resynthesen miteinander zu rekombinieren und daraus verbesserte "sekundäre" Resynthesen zu selektieren. Bei den Original-Resynthesen liegt das komplette A- und C-Genom der beiden verwendeten Rübsen- und Kohleltern vor. Bei den durch Rekombination entstandenen sekundären Resynthesen sind dagegen A- und C-Genom aus mehreren verschiedenen Rübsen- bzw. Kohlformen zusammengesetzt. Dadurch können völlig neue Formen entstehen, und die genetische Variation im Resynthese-Genpool wird erhöht. Andererseits könnten aber auch günstige koadaptierte Genkombinationen der diploiden Elternformen aufgebrochen werden, und dadurch die sekundären Resynthesen im Mittel weniger leistungsfähig als die primären Resynthesen sein.

Als weitere Möglichkeit zur Erhöhung der genetischen Variation in einem Resynthese-Genpool sind Kreuzungen zwischen *Brassica rapa* und Wildformen von *Brassica oleracea* und anderen verwandten Arten denkbar. Da Resynthesen bisher überwiegend aus Gemüseformen von *B. oleracea* synthetisiert wurden, welche nicht auf generative Merkmale wie Samenertrag gezüchtet wurden, können andere *Brassica*-Arten mit dem C-Genom eventuell eine bessere Eignung als Ausgangselter für Resynthesen haben als *B. oleracea*. Die grosse intraspezifische Diversität innerhalb der nicht-kultivierten Arten der *B. oleracea*-Gruppe wurde unter anderem von LANNÉR (1997) nachgewiesen, wurde bislang jedoch kaum züchterisch genutzt.

5 Zusammenfassung

Hybridsorten bei Winterraps zeigen bis zu 20 % höhere Kornerträge und eine höhere Ertragssicherheit als konventionelle Sorten. Die Anbaufläche von Hybridsorten nimmt daher in Europa ständig zu. Da der Hybrideffekt auf der gegenseitigen Ergänzung von genetisch unterschiedlichen Genotypen beruht, ist es für die Hybridzüchtung wünschenswert, zwei genetisch divergente Genpools als Ausgangsmaterial zur Verfügung zu haben.

Als mögliche Genpools kommen einerseits das angepasste Winterrapsmaterial und andererseits, aufgrund ihrer genetischen Verschiedenheit, Sommerraps oder asiatische *B. napus* – Formen in Betracht. Doch erschwert die unzureichende Winterhärte dieser Herkünfte ihre Nutzung für die Entwicklung von Sorten für den europäischen Markt. Langfristig eröffnet daher die Verwendung von "resynthetisiertem" Raps aus künstlichen Kreuzungen zwischen Kohl und Rübsen die Möglichkeit, die genetische Variation zu erweitern und genetisch divergente Genpools zu entwickeln. Resynthetisierter Raps ist besser an europäische Klimabedingungen angepasst als Sommerraps oder asiatische Rapslinien, zeigt allerdings im Vergleich zu angepasstem Winterraps-Zuchtmaterial eine deutlich geringere Leistung im Ertrag und anderen agronomischen Eigenschaften. Aufgrund der großen genetische Diversität kann er aber für die Hybridzüchtung in Kombination mit ertragreichem konventionellem Material in Zukunft von Interesse sein.

Die genetische Variation von 142 resynthetisierten Rapsformen wurde nach Auswertung von 129 RFLP-Markern mit einer weltweiten Kollektion von 57 Rapssorten verglichen. Dieses Sortiment stellte eine repräsentative Stichprobe des weltweit verfügbaren Zuchtmaterials dar. Durch Clusteranalysen konnten mit Winterraps-, Sommerraps und chinesische Rapsformen drei genetisch divergente Hauptgruppen im Zuchtmaterial identifiziert werden. Die meisten Resynthese-Linien zeigten eine große genetische Distanz sowohl zu heutigen Zuchtsorten als auch untereinander. Die grössten genetischen Distanzen zu Winterraps wiesen Resyntheseformen auf, die aus Kreuzungen zwischen asiatischen Rübsen und/oder asiatischen Kohlformen hervorgegangen sind.

Hybriden aus Kreuzungen von 50 resynthetisierten Linien mit den beiden Rapssorten *Express* und *Falcon* wurden gemeinsam mit ihren Eltern in einem zweijährigen Feldversuch an fünf Standorten in Deutschland auf ihre Leistung geprüft. Die Resynthesen erzielten im Mittel Erträge von 63% der mitgeprüften Standardsorten. Im Gegensatz zu den im Anbau befindlichen Rapssorten wiesen die resynthetisierten Rapsformen hohe Glucosinolatgehalte im Schrot und hohe Anteile von Erucasäuregehalte im Samenöl auf. Die Testkreuzungen übertrafen das Elternmittel im Kornertrag um durchschnittlich 23% mit einer Spannweite zwischen 0 und 47%. Die besten Hybriden erreichten das Ertragsiveau von konventionellen Hybridsorten.

Ein weiteres Ziel der Arbeit war es, die Vorhersagbarkeit der Heterosis aufgrund von Informationen zur genetischen Distanz zwischen den Elternlinien zu untersuchen. Es konnte keine Korrelation zwischen den genetischen Distanzen der Eltern hinsichtlich molekularer

Marker und der Heterosis oder der agronomischen Leistung der Hybriden beobachtet werden. Im Gegensatz hierzu zeigte sich mit r=0,63 eine enge Beziehung zwischen der allgemeinen Kombinationseignung der Resyntheselinien und dem Ertrag der Testkreuzungen. Eine Kombination der gca- Effekte mit den Distanzwerten der Eltern zeigte nur eine geringfügige Verbesserung der Beziehung zwischen erwarteter und tatsächlicher Hybridleistung.

Die teilweise hohen Heterosiswerte lassen erwarten, dass Resynthesen erfolgreich als Komponenten für Hybridsorten eingesetzt werden können. Voraussetzung hierfür ist jedoch die weitere Verbesserung der agronomischen Leistung der Resyntheselinien für wichtige Eigenschaften unter Beibehaltung einer möglichst grossen genetischen Distanz zu Winterraps.

6 Literatur

Ahmadi, M. R., 1988. Charakterisierung der genetischen Variabilität von amphidiploiden resynthetischen Rapsformen und deren Ausgangseltern. Dissertation Universität Göttingen

Akbar, M.A., 1989a: Resynthesis of *Brassica napus* aiming for improved earliness and carried out by different approaches. Hereditas 111: 239-246

Akbar, M.A., 1989b: Chromosomal stability and performance of resynthesized *Brassica napus* produced for gain in earliness ans short-day response. Hereditas 111: 247-253

Anonymus 2001: Beschreibende Sortenliste Getreide, Mais, Ölfrüchte, Leguminosen, und Hackfrüchte, Ausgabe 2001. Landbuch Verlagsgesellschaft, Hannover.

Backhaus, K. Erichson, B., Plinke, W. und Weiber, R. 1990: Multivariate Analysemethoden. Springer Verlag, Berlin, 6. Aufl.:115-160

Baur, G. 1944: Raps, *Brassica napus* L. var. *oleifera* Metzger – Rübsen, *Brassica rapa* L. var. r*apifera* Metzger. In: Roemer, Th. und Rudorf, W. (Hrsg.), Rüben, Kartoffeln, Öl- und gespinstpflanzen, Tabak. Handbuch der Pflanzenzüchtung, 1. Ausg., Parey, Berlin. 4: 206-242.

Becker, H.C., 1984: Theoretische Überlegungen und experimentelle Untersuchungen zur genetischen Basis der Heterosis – Eine Literaturübersicht. Vortr. Pflanzenzüchtung 5: 23-42.

Becker, H.C., 1987: Quantitative Genetik und Zuchtmethodik bei Raps - Versuch einer Literaturübersicht. Ber.Arb.tagung 1987 A.G.Saatzuchtleiter, Gumpenstein:67-82.

Becker, H.C. 1993: Pflanzenzüchtung. Verlag Eugen Ulmer. Stuttgart.

Becker, H. C. and Link, W. 2000: Heterosis and hybrid breeding. Vortr. Pflanzenzüchtg. 48: 319-327.

Becker, H. C., Damgaard, C. and Karlsson, B. 1992: Environmental variation for outcrossing rate in rapeseed (*Brassica napus* L.). Theor. Appl. Genet. 84: 303-306.

Becker, H.C., and G.M. Engqvist 1995: The potential of resynthesized rapeseed for hybrid breeding. Proc. 9th Int. Rapeseed Congress, 4 - 7 July 1995, Cambridge, UK, 113-115

Becker, H.C., G.M. Engqvist and B. Karlsson 1995: Comparison of rapeseed cultivars and resynthesized lines based on allozyme and RFLP markers. Theor.Appl.Genetics 91:62-67

Becker, H. C., H. Löptien, and G. Röbbelen 1999: Breeding: an overview. In: C. Gómez-Campo (ed.) Biology of Brassica Coenospecies, pp. 413-460. Elsevier Amsterdam

Beckmann, J. S. and Soller, M. 1983: Restriction fragment lenth polymorphisms in genetic improvement: methodologies, mapping and costs. Theor. Appl. Genet. 67: 35-43.

Bernatzky, R. und Tanksley, S. D. 1986: Towards a saturated linkage map in tomato based on isozymes and random cDNA sequences. Genetica 112: 887-898.

Boppenmaier, J., Melchinger, A. E., Seitz, G., Geiger, H. H. and Herrmann, R. G. 1993: Genetic diversity for RFLP in European maize inbreds. III. Performance of crosses within versus between heterotic groups for grain traits. Plant Breeding 111: 217-226.

Botstein, D., White, R. L., Skolnik, M. and Davis, R. W. 1980: Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms.am. J. Hum. Genet. 32: 314-331

Brandle, J. E. and McVetty, P.B.E. 1989: Heterosis and combining ability in hybrids derived from oilseed rape cultivars and inbred lines. Crop. Sci. 29: 1191-1195.

Butruille, D. V., Guries, R. P. and Osborn, T. C. 1999: Increasing yield of spring oilseed rape hybrids through introgression of winter germplasm. Crop Sci. 39:1491-1496

Charcosset, A., Lefort-Buson, M. and Gallais, A. 1991: Relationship between heterosis and heterozygosity at marker loci: a theoretical computation. Theor. Appl. Genet. 81: 571-575.

Charters, Y. M., Robertson, A., Wilkinson, M. J., und Ramsay, G. 1996: PCR analysis of oilseed rape cultivars (*Brassica napus* L. ssp. *oleifera*) using 5'-anchored simple sequence repeat (SSR) primers. Theor. Appl. Genet. 92: 442-447.

Chen, B.Y., and W. Heneen 1989. Resynthesized Brassica napus L. A review of its potential in breeeding and genetic analysis. Hereditas 111:255-263

Crouch, J. H., Lewis, B. G and Mithen, R. F. 1994: The Effect of A Genome Substitution on the Resistance of Brassica napus to Infection by Leptosphaeria maculans. Plant breeding 112: 265-278.

Crow, J. F., 1999: Dominance and overdominance. In: C. G. Coors and S. Pandey (eds.), Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops, 49-58. American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin, USA.

Delourme, R., Eber, F. and Renard, M. 1999: Breeding double low restorer lines in radish cytoplasmatic male sterility of rapeseed (*Brassica na*pus L.). Proc. 10th Int. Rapeseed Congress, Canberra 1999, Australia.

Dice, L. R. 1945: Measures of the amount of ecological association between species. Ecology 26: 297-302

Diederichsen, E., and M. D. Sacristan 1996: Disease response of resynthesized Brassica napus L. lines carrying different combinations of resistance to Plasmodiophora brassicae Wor. Plant Breeding 115:5-10

Diers, B.W and T. Osborn 1994: Genetic diversity of oilseed *Brassica napus* germ plasm based on restriction fragment length polymorphisms. Theor. Appl. Genet. 88: 662-668.

Diers, B.W., P.B.E. McVetty and T. Osborn 1996. Relationship between heterosis and genetic distance based on restriction fragment length polymorphism markers in oilseed rape (*Brassica napus*). Crop Science 36: 79-83

Dos Santos, J.B., Nienhuis, J., Skroch, P., Tivang, J. und Slocum, M. K. 1993: Comparison of RAPD and RFLP genetic markers in determining genetic similarity among *Brassica oleracea* L. genotypes. Theor. Appl. Genet. 87: 909-915.

Downey, R. K., Stringham, G. R., McGregor, D. I. and Stefansson, B. R. 1975: Breeding rapeseed and mustard crops. In: Harapiak, J. T. (ed.), Oil-seed and pulse crops in Western Canada – A symposium, Western Coop. Fertilizers Ltd., Calgary, Alberta, Can. 157-183.

Duvick, D. N. 1999: Heterosis: Feeding people and protecting natural resourses. C. G. Coors and S. Pandey (eds.), Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops, 19-29. American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin.. D.F., Mexico.8-115.

Engqvist, G. M., and H. C. Becker 1994a: What can resynthesized Brassica napus offer to plant breeding? Sveriges Utsädesförenings Tidskrift 104:87-92.

Engqvist, G. M., and H. C. Becker 1994b: Genetic diversity for allozymes, RFLPs and RAPDs in resynthesized rape. In: J.W. van Oijen and J. Jansen (eds) Biometrics in Plant Breeding: Applications of Molecular Markers. CPRO-DLO, Wageningen, the Netherlands, pp. 58-90.

Feinberg, A. P. und Vogelstein, B. 1983: A technique for radiolabelling DNA restriction endonuclease fragments to high specific activity. Anal. Biochem. 132: 266-267.

Felsenstein, J. 1985: Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. Evolution 39: 783-791.

Ferreira, M. E., Satagopan, J., Yandell, B. S., Williams, P. H. and Osborn, T. C. 1995: Mapping loci controlling vernalization requirement and flowering time in *Brassica napus*. Theor. Appl. Genet. 90: 727-732.

Förster, J. und Knaak, C. 1995: Estimation of the genetic distance of 21 winter rapeseed varieties by RAPD analyss in comparison to RFLP results. Proc. 9th Int. Rapeseed Congress, 4 - 7 July 1995, Cambridge, UK.

Förster, J., Knaak, C. und Weyen, J. 1999: Microsatellites for analysing rapeseed genotypes. 10th International Rapeseed congress, Canberra, Australia.

Frauen, M., and A. Baer 1996: Hybrids of winter rapessed - varieties for the future? GCIRC Bulletin 12:47-51.

Frauen M., Winkelmann H. E., Baer A., Brauer D. (2001): Hybridni odrudy ozime repky: soucasny stav a budoucnost. Sammelband des 18. Seminares von Rapsbund in Hluk, 20.-22.11.2001, S. 199-205. ISBN 80-238-7749-0

Girke, A., Becker, H. C. und Engqvist, G. M. 1999: Resynthesized Rapeseed as a new gene pool for hybrid breeding. 10th International Rapeseed Congress. 26.-29. Sept. Canberra, Australia.

Girke, A. Becker, H. C. und Engqvist, G. M. 2000: Predicting Heterosis from genetic distances for RFLP markers in resynthesized oilseed rape. In: Quantitative genetics and breeding methods: the way ahead. Proceedings of the 11th Meeting of the Section Biometrics in Plant Breeding. Paris, France 30. Aug. – 1. Sept. 2000

Gland, A., 1982: Gehalt und Muster der Glucosinolate in Samen von resynthetisierten Rapsformen. Z. Pflanzenzüchtg. 88: 242-254.

Gland, A., 1985: Inheritance of content and pattern of glucosinolates in combinations of resynthesized rapeseed x rapeseed cultivars. In: H. Sørensen (ed.) Advances in the Production of Cruciferous Crops. Nijhoff, Dordrecht, pp. 268-277.

Gomez-Campo, C. and Prakash, S. 1999: Origin and Domestication. In: C. Gómez-Campo (ed.) Biology of Brassica Coenospecies, pp. 413-460. Elsevier Amsterdam

Goodnight, C. J. 1999: Epistasis and heterosis. In: C. G. Coors and S. Pandey (eds.), Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops,59-68. American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin.. D.F., Mexico.8-115.

Graichen, K., und H. Peterka 1994: Prüfung und Selektion von Raps (Brassica napus L.) und verwandten Arten auf Resistenz gegen das Beet Western Yellow Virus. Vortr. Pflanzenzüchtg. 28:274-276.

Grant, J. and Beversdorf, W. D. 1985: Heterosis and combining ability estimates in spring planted oilseed rape (Brassica napus L.). Can. J. genet. Cytol. 27: 427-478

Hallden, C., Nilsson, N. O., Rading, I. M. und Sall, T. 1994: Evaluation of RFLP and RAPD markers in a comparison of *Brassica napus* breeding lines. Theor. Appl. Genet. 88: 123-128.

Hoffmann, W, und R. Peters 1958: Versuche zur Herstellung synthetischer und semisynthetischer Rapsformen. Züchter 28:40-51.

Jaccard, P. 1908: Nouvelles recherches sur la distribution florale. Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat. 44: 223-270.

Knaak, C., 1996: Schätzung genetischer Distanzen mittels RFLP zur Identifikation von Genpools für die Hybridzüchtung bei Winterraps. Dissertation Universität Göttingen

Knaak, C. und W. Ecke 1995: RFLP-Analyse zur Schätzung genetischer Distanzen bei Winterraps. Vortr. Pflanzenzüchtg. 31, 80-83.

Koch, H., und R. Peters 1952: Neue Gesichtspunkte der Rapszüchtung. Wiss. Zeitschr. Martin-Luther-Univ. Halle-Wittenberg, Math.-naturwiss. Reihe 2:363-367

Körber-Grohne, U. 1994: Nutzpflanzen in Deutschland. Kulturgeschichte und Biologie. 3. Aufl., Theiss, Stuttgart.

Kräling, K. 1986: Nutzung genetischer Variabilität von resynthetisiertem Raps. Dissertation, FB Agrarwissenschaften, Universität Göttingen.

Kräling, K., 1987. Utilization of genetic variability of resynthezised rapeseed. Plant Breeding 99:209-217.

Kroll, H. 1994: Ein archäologischer Rapsfund ds 16. Jahrhunderts, entdeckt in Heide in Holstein, Norddeutschland. J. Agron. Crop. Sci. 173: 17-21

Lagercrantz, U., Ellergren, H. und Andersson, L. 1993. The abundance of various polymorphic microsatellite motifs between plants and vertebrates. Nucl. Acid Res. 21: 1111-1115.

Landry, B. S., Hubert, N., Etoh, T., Harada, J. J. and Lincoln, S. E. 1991: A gentic linkage map for *Brassica napus* based on restriction fragment length polymorphism, isoenzyme, disease resistance and morphological markers. Genetics 116: 331-337.

Lannér, C. 1997: Genetic Relationships within the Brassica oleracea Cytodeme. Doctoral thesis, Swedish University of Agricultural Sciences. Svalöv.

Lee, D., Reeves, J. C. and Cooke, R. J. 1996: DNA profiling and plant variety registration: 2. Restriction fragment length polymorphisms in varieties of oilseed rape. Plant Var. Seeds 9: 181-190.

Lefort-Buson, M. Guillot-Lemoine, B. und Dattee, Y., 1987: Heterosis and genetic distance in rapeseed (Brassica napus L.): crosses between European and Asiatic selfed lines. Genome 29:413-418.

Léon, J., 1991: Heterosis and mixing effects in winter oilseed rape. Crop Sci. 31:281-284.

Léon, J., und H.C. Becker, 1995: Rapeseed (Brassica napus L.), Genetics. In: W. Diepenbrock and H.C. Becker (eds.) Physiological Potentials for Yield Improvement of Annual Oil and Protein Crops. Advances in Plant Breeding 17, Blackwell Wissenschaftsverlag Berlin, pp. 53-90.

Li, G. und Quiros, C. F. 2001: Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica*. Theor. Appl. Genet. 103: 455-461

Link, W., Dixkens, C., Singh, M. and Schwall, M. M. A. E. 1995: Genetic diversity in European and Mediterranean faba bean germplasm revealed by RAPD markers. Theor. Appl. Genet. 90: 27-32.

Liu, Z., Sun, Q. ;Ni, Z. und Yang, T. 1999: Development of SCAR markers linked to the Pm21 gene conferring resistance to powdery mildew in common wheat. Plant breeding 118: 215-220

Lombard, V., Baril, C. P., Dubreuil, P., Blouet, F. und Zhang, D. 2000: Genetic Relationships and Fingerprinting of Rapeseed Cultivars by AFLP: Consequences for Varietal Registration. Crop. Sci. 40: 1417-1425.

Lühs, W., Voss, A. Seyis, F. und Friedt, W. 1998: Erweiterung der genetischen Variabilität in der Rapszüchtung durch Resynthese. Ber. Arb.tagung 1998 A.G.Saatzuchtleiter, Gumpenstein: 59-65.

Lu, C. M., Zhang, B., Kakihara, F. and Kato, M. 2001: Introgression of genes into cultivated Brassica napus through resynthesis of B. napus via ovule culture and the accompanying change in fatty acid composition. Plant Breeding 120: 405-410.

Malecot, G. 1948: Les mathématiques de l' hérédité. Mason & Cie, Paris.

Martin, J. M., Talbert, L. E., Lanning, S. P. und Blake, N. K. 1995: Hybrid performance in wheat as related to parental diversity. Crop Sci. 35: 104-108

Melchinger, A. E. 1999: Genetic diversity and heterosis. C. G. Coors and S. Pandey (eds.), Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops, 99-118 American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin.

Melchinger, A. E., und Gumber, R. K.1998: Overview of Heterosis and Heterotic Groups in Agronomic Crops. In: Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants. Crop Science Society of America, Madison, USA.

Melchinger, A. E., Lee, M., Lamkey, A. R., Hallauer, A. R. und Woodman, W. L. 1990: Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms and heterosis for two diallel sets of maize inbreds. Theor. Appl. Genet. 80: 488-496.

Metzger, J. 1833: Systematische Beschreibung der kultivierten Kohlarten. Heidelberg

Moll, R.H., Lonnquist, J.H., Velez Fortuno, J. and Johnson, E.C. 1965: The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. Genetics 52: 139-144.

Morinaga, T. 1934: Interspecific hybridisation in brassica. VIO. The cytology of F1 hybrids of *B. juncea* and *B. nigra*. Cytologia 6, 62-67.

Mündges, H., Köhler, W. und Friedt, W. (1990): Identification of rape seed cultivars (*Brassica napus*) by starch gel electrophoresis of enzymes. Euphytica 45: 179-187.

Nei, M. und Li, W. 1979: Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 76: 5256-5273.

Odenbach, W., and M. Beschorner 1994: Self-incompatibility gene interactions in resynthesized *Brassica napus*. In: Wricke, G., and U. Kück (eds.) Genetic Mechanisms for Hybrid Breeding. Adv. Plant Breeding 18:123-137

Olsson, G., 1960: Species crosses within the genus *Brassica*. II. Artificial *Brassica napus* L. Hereditas 46:351-386

Olsson, G. 1986: Allopolyploids in *Brassica*: in: Svalöf 1886-1986. Research and Results in Plant Breeding. LTs förlag, Stockholm, 114-119.

Paran, I. und Michelmore, R. W. 1993: development of reliable PCR-based markers linked to downey mildew resistance genes in lettuce. Theor. Appl. Genet. 85: 985-993.

Paulmann, W. und 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.

Reinhard, T. C. 1992: Entwicklung und Anwendung von Nah-infrarot-spektroskopischen Methoden für die Bestimmung von Öl-, Protein-, Glucosinolat-, Feuchte- und Fettsäuregehalten in intakter Rapssaat. Diss. Univers. Göttingen.

Renard, M., Delourme, R., Vallée, P. and Pierre, J. 1997: Hybrid rapeseed breeding and production. Acta Hortculturae 459: 583-591.

Riaz, A., Li, G., Quresh, Z., Swati, M. S. und Quiros, C. F. 2001: Genetic diversity of oilseed *Brassica napus* inbred lines based on sequence-related amplified polymorphism and its relation to hybrid performance. Plant breeding 120: 411-416.

Röbbelen, G. 1985: Raps (*Brassica napus* L.). In Hoffmann W., A. Mudra & W. Plarre: Lehrbuch der Züchtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen. Band 2. Verlag Paul Parey, Berlin, 2. Auflage. 289-303.

Rogers, S. O. and Bendich, A. J. 1988: Extraction of DNA from plant tissues. Plant Mol. Biol. Manual A6: 1-10.

Rohlf, F. J., 2000: NTSYS-pc Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.1. Setauket, New York: Exeter Publishing Co, Ltd.

Rudolph, B. 2001: Entwicklung, Charakterisierung und genetische Kartierung von Mikrosatelliten-Markern beim Raps (*Brassica napus* L.). Dissertation, Universität Göttingen.

Rudorf, W., 1950: Über die Erzeugung und die Eigenschaften synthetischer Rapsformen. Z. Pflanzenzüchtg. 29:35-54.

Schnell, F. W. 1974: Genetische und züchterische Konsequenzen von weiten Kreuzungen innerhalb der Art. Ber. Arbeitstagung 1974, Bundesversuchsanstalt für alpenländische Landwirtschaft, Gumpenstein, 15-42.

Schnell, F. W. 1982. A synoptic study of the methods and categories of plant breeding. Z. Pflanzenzüchtg. 89: 1-18.

Schranz, M. E. and Osborn, T. C. 2000: Novel Flowering Time Variation in the Resynthesized Polyploid *Brassica napus*. The Journal of heredity 91. 242-246.

Schröder-Lembke, G. 1976: Die Entwicklung des Raps- und Rübsenanbaus in der deutschen Landwirtschaft. Z. f. Agrargeschichte und Agrarsoziologie 24: 145-160.

Schuster, W. und Michael, J. 1976: Untersuchungen über Inzuchtdepression und Heterosiseffekte bei Raps (*Brassica napus oleifera*). Z. Pflanzenzüchtg. 77: 56-66.

Schwetka, A., 1981: Samenfarbe bei Kohl und Rübsen und deren Einfluss auf die Samenfarbe synthetischer Rapsformen. Dissertation Universität Göttingen.

Sernyk, J.L. and Stefansson, B. R. 1983: Heterosis in summer rape (*Brassica napus* L.). Can. J. Plant Sci. 63: 407-413.

Sernyk, J. L. 1999; Catalogue of oilseed rape cultivars: 1999 edition.

Shirzadegan, M., 1986: Inheritance of seed color in *Brassica napus* L. Z. Pflanzenzüchtg. 96:140-146.

Shirzadegan, M., and G. Röbbelen 1985: Influence of seed color and hull proportion on quality properties of seeds in *Brassica napus* L. Fette-Seifen-Anstrichmittel 87: 235-237

Shull , G. H., 1922: Über die Heterozygotie mit Rücksicht auf den praktischen Züchtungserfolg. Beiträge zur Pflanzenzücht., 5. Heft, 134-158

Smith, O. S. and Smith, J. S. C. 1992: Measurement of genetic diversity among maize hybrids: a comparison of isozymic, RFLP, pedigree and heterosis data. Mayica 37: 53-60.

Sneath, P. H. A. und Sokal, R. R. 1973: Numerical taxonomy. Freeman, San Franzisco, USA.

Song, K. M. und Osborn, T.C. 1992: Polyphyletic origins of *Brassica napus* L.: new evidence based on organelle and nuclear RFLP analyses. Genome 35, 992-1001.

Song, K. M., Osborn, T.C, und Williams, P. H. 1988: Brassica taxonomy based on nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs). 1. Genome evolution of diploid and amphidiploid species. Theor. Appl. Genet. 75: 784-794.

Song, K. M., K. Tang, and T.C. Osborn 1993: Development of synthetic Brassica amphidiploids by reciprocal hybridization and comparison to natural amphidiploids. Theor.Appl.Genet. 86: 811-821.

Southern, E. M. 1975: Detection of specific sequences among DNA fragments seperated by gel electrophoresis. J. Mol. Biol. 98:503-517

Toxopeus, H. 1979: The domestication of Brassica crops. Proc. Eucarpia Conference on the breeding of cruciferous crops, 47-56.

U, N., 1935. Genome analysis in Brassica with special reference to the experimental formation of B. napus and peculiar mode of fertilization. Jap. J. Bot. 7:389-452

Utz, H. F. 1992: Plabstat, Computerprogramm zur statistischen Analyse von pflanzenzüchterischen Experimenten, Version 2F. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim

Uzunova, M. 1994: Erstellung einer RFLP-Karte von Raps (*Brassica napus* L.) und Kartierung erster züchterisch wichtiger Gene. Dissertation Universität Göttingen

Uzunova, M., W. Ecke, K. Weißleder, and G. Röbbelen 1995: Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L.). I. Construction of an RFLP linkage map and localization of QTLs for seed glucosinolate content. Theor. Appl. Genet. 90, 194 – 204

Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M. Van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M. und Zabeau, M. 1995: AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucl. Acid Res. 23: 4407-4414.

Voss, A., Friedt, W., Marjanovic-Jeromela, A. and Lühs, W. 1998: Molecular genotyping of rapeseed including resynthesized *Brassica napus* lines. EUCARPIA Cruciferae Newsletter 20, 27-28.

Williams, J. G. K., Kubelik, A. R., Kenneth, J. L., Rafalski, J. A. und Tingey, S. V. 1990: DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are usefull as genetic markers. Nucl. Acids Res. 18: 6531-6535.

Zhang, Q. F., Maroof, M. A. S., Lu, T. Y. and Shen, B. Z. 1992. Genetic diversity and differtiation of Indica and Japonica rice detected by RFLP analysis. Theor. Appl. Genet. 83: 495-499.

7 Anhang

Tab. 19: Adressen der Saatzuchtfirmen und Forschungsinstitute

Abkürzung	Adresse
Ag Cda	Agriculture Canada, 107 Science Place, Saskatoon, Saskatchewan S7N 0X2
Cargill	Semences Cargill, Boissay BP 17, 28390 Toury
CPB	Cambridge Plant Breeders, Church Steet, Thriplow, Royston, Herts SG8 7RE
DA	Department of Agriculture, Agriculture House, Kildare St, Dublin 2, Irland
DSV	Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH zu Lippstadt, Postfach 1407, 4780 Lippstadt
FU Berlin	Institut für Genetik, Freie Universität Berlin, Albrecht-Thaer-Weg 6, 14195 Berlin
GAUG	Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Georg-August-Universität Göttingen, Von-Siebold-Str. 8, D-37075 Göttingen
HAAS	Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha, Hunan Province
HAU	Huazhong Agricultural University, Wuhan, Hubei Province
IAP	Institute of Agroindustrial Production, Ukrainian Academy of Agrarian Sciences, Ivano-Frankivsk, Ukraine
IHAR	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roslin, Oddzial, Poznansko-Gorzowski, ul. Strzeszynska 36, 60-479 Poznan, Polska
INRA	INRA, Station d'Amelioration des Plantes, BP No 29, 35650 Le Rheu
JAAS	Jiangshu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing, Jiangshu Province
Mansholt	Dr. R.J. Mansholt`s Veredelingsbedrijf B. V., Vierhuizen, Niederlande
NPZ	Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG, Hohenlieth, 2331 Holtsee
NSWDA	New South Wales Dept of Agriculture, Agricultural Research Institute, Wagga Wagga, New South Wales 2650
Pajbj	Pajbjergfonden, Gersdorflundvej 1, Hou, DK-8300 Odder
SAAS	Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Crop Breeding and Cultivation Research Institute, Shanghai
Serasem	Serasem - Recherches et Selections, Ferme de la Cueillerie, 10/12, rue Roger-Lecerf, Premesques, 59840 Perenchies
SW	Svalöf Weibull AB, S-268 81 Svalöv
Syngenta	Syngenta Seeds GmbH, Zum Knipkenbach 20, D-32107 Bad Salzuflen
U of Alberta	University of Alberta, Dept of Plant Science, Edmonton, Alberta T6G 2P5
U of Manitoba	University of Manitoba, Dept of Plant Science, Winnipeg, Manitoba R3T 2N2
WADA	Western Australian Dept of Agriculture, Baron-Hay Court, South Perth, Western Australia 6151
WIAS	Wanxian Institute of Agricultural Sciences, Sichuan Province
ZAU	Zhejiang Agriculture University

Tab. 20: Übersicht über die Ausgangseltern der untersuchten Resynthesen

Brassica oleracea L. (2n=18)

convar. oleracea	var. oleracea	Wildkohl
	var. gemmifera (DC)	Rosenkohl
convar. acephala (DC.) Alef.	var. gongyloides L.	Kohlrabi
	var. medullosa Thell .	Markstammkohl
	var. sabellica L.	Grünkohl
convar.capitata (L.) Alef.	var. sabauda L.	Wirsing
	var capitata L.	Weisskohl, Rotkohl
convar. botrytis (L.) Alef.	var. botrytis L.	Blumenkohl
	var. italica Plenck	Brokkoli
	var. alboglabra (Bail.) Sun,	Chinesischer Kohl
convar. fruticosa (Metzg.) Alef.	var. ramosa DC.	Strauchkohl

Brassica rapa L. em. Metzg. (2n=20)

ssp. rapa L.	Stoppelrübe, Wasserrübe
ssp. oleifera (DC.) Metzg.	Öl- und Futterrübsen
ssp. trilocularis (Roxb.) Hanelt	Yellow Sarson
ssp. dichotoma (Roxb.) Hanelt	Toria
ssp. pekinensis (Lour.) Hanelt	Chinakohl, Petsai
ssp. chinensis (L.) Hanelt	Chinakohl, Pak-Choi
ssp. nipposinica (Bailey) Hanelt	

Brassica napus L. em. Metzg. (2n=38)

ssp. napus	var. napus	Öl- und Futterraps
	var. pabularia (DC.) Rchb.	Schnittkohl
ssp. napobrassica (L.) Hanelt		Kohlrübe, Steckrübe

Tab. 21: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP –Analyse (Teil I)

	Resyn-Form*	Ausgangseltern						
RFLP Nr.		Her-kunft§	Sort -Nr.	Mutter	Form/Sorte	Sort.-Nr.	Vater	Form/Sorte
1	**G39**	GAU	2118	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Sun Up H	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
2	**G65**	GAU	2166	B.oleracea convar.botrytis var.italica	Topper 430	67	B.rapa ssp.pekinensis	forma
3	**G89**	GAU	2457	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Market Victor	67	B.rapa ssp.pekinensis	forma
4	**H4**	GAU	2185	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Japanischer Zierkohl	35	B.rapa ssp.pekinensis var.laxa	Sandun
5	**H30nc**	GAU	486	B.rapa ssp. chinensis	forma	2352	B.napus ssp.napus var.pabularia	Siberian Kale
6	**H40**	GAU	513	B.oleracea convar.botrytis var.italica	Spartan Early	35	B.rapa ssp.pekinensis var.laxa	Sandun
7	**H48**	GAU	587	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Vorbote	2486	B.rapa ssp. nipposinica var.perviridis	Tendergreen
8	**H65**	GAU	2330	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Savoy King	454	B.rapa ssp.pekinensis	Pao Tou Ta Pai Tsai
_	**H80/3**	GAU	2179	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Eisenkopf	2486	B.rapa ssp. nipposinica var.perviridis	Tendergreen
9	**H89**	GAU	2150	B.oleracea convar.botrytis var.alboglabra	966-1-4 SI	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
10	**H94**	GAU	531	B.oleracea convar.capitata var.capitata	FB-S cross Japan	2372	B.rapa ssp.pekinensis	Early Hybri G
11	**H111/2**	GAU	2362	B.rapa ssp.pekinensis	Spring Giant	2352	B.napus ssp.napus var.pabularia	Siberian Kale
12	**H113**	GAU	2179	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Eisenkopf	454	B.rapa ssp.pekinensis	Pao Tou Ta Pai Tsai
13	**H128**	GAU	2152	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Halbhoher Grüner Mooskrauser	383	B.rapa ssp.chinensis	forma
14	**H143**	GAU	2032	B.oleracea convar.acephala	Kora 8	2366	B.rapa ssp.pekinensis	Tip Top Nr.12
15	**H149**	GAU	2288	B.oleracea convar.acephala var.medullosa	Cavalier Rouge	170	B.rapa ssp.chinensis	forma
	H165	GAU	362	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	forma	383	B.rapa ssp.chinensis	forma
16	**H176**	GAU	585	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Praeco	29	B.rapa ssp.pekinensis var.laxa	Hsiao Pai Kou Pai Tsa
17	**H196**	GAU	613	B.oleracea convar.acephala var.gongyloides	forma	170	B.rapa ssp.chinensis	forma
	H219	GAU	2185	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Japanischer Zierkohl	2486	B.rapa ssp. nipposinica var.perviridis	Tendergreen
	H226	GAU	2317	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Stone Head	2362	B.rapa ssp.pekinensis	Spring Gian
18	**H231**	GAU	2325	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Hybrid 0	2362	B.rapa ssp.pekinensis	Spring Gian
19	**H240**	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	43	B.rapa ssp.pekinensis	BRA 122/6
20	**H280**	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	486	B.rapa ssp.chinensis	forma

* nc: *Brassica napocampestris*

§ GAU: Georg-August-Universität Göttingen FUB: Freie Universität Berlin DP: Dansk Planteforaedling

Tab. 22: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil II)

	Resyn-Form*			Ausgangseltern				
RFLP Nr.		Her-kunft	Sort -Nr.	Mutter	Form/Sorte	Sort.-Nr.	Vater	Form/Sorte
21	**H295**	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2487	B.rapa ssp.rapa	Just Right
22	**H327**	GAU	2325	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Hybrid 0	2486	B.rapa ssp. nipposinica var.perviridis	Tendergreen
23	**H357**	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2370	B.rapa ssp.pekinensis	Nagaoba King
24	**H777**	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2371	B.rapa ssp. pekinensis	Kyoto Nr.3
	K306	GAU	2954	B.rapa ssp. oleifera	forma annua	2352	B.napus ssp.napus var.pabularia	Siberian Kale
25	**L16**	GAU	168	B.oleracea convar.botrytis var.alboglabra	forma	2366	B.rapa ssp.pekinensis	Tip Top Nr.12
26	**L35**	GAU	504	B.oleracea convar.botrytis var.italica	BRA 103/66	2909	B.rapa ssp.oleifera	CZ R6-918
27	**L239**	GAU	3298	B.oleracea convar.gemmifera	Ro 6 B	486	B.rapa ssp. chinensis	forma
28	**R1**	GAU	526	B.oleracea convar.capitata var.capitata	0-S-cross Gigant	2484	B.rapa ssp.rapa	Scarlet Ball
29	**R8**	GAU	2179	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Eisenkopf	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
30	**R53**	GAU	2154	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Winterkohl	2372	B.rapa ssp.pekinensis	Early Hybrid G
31	**R59**	GAU	2317	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Stone Head	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
	R98	GAU	2184	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Marner September	2366	B.rapa ssp.pekinensis	Tip Top Nr.12
32	**R140**	GAU	2325	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Hybrid 0	833	B.rapa ssp.oleifera	Eskisehir II
33	**RS1/2**	FUB		B.rapa	I 85-326		B.oleracea	I 85-241
34	**S3**	FUB		B.rapa ssp.rapa	lange weisse Herbstrübe		B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Grünkohl
35	**S9**	FUB		B.rapa ssp.pekinensis	Chinakohl		B.oleracea convar.gemmifera	Rosenkohl
36	**S12**	FUB		B.oleracea convar.capitata var.sabauda 4x	Wirsing		B.rapa ssp.oleifera annua 4x	Can. So-Rübsen (0+)
37	**S13**	FUB		B.rapa ssp.oleifera 4x	Rübsen		B.oleracea convar.acephala var.medullosa 4x	Markstamm-kohl
38	**S27**	DP		B.oleracea convar.oleracea	Wildkohl		B.rapa ssp.oleifera annua	Nokanova
39	**S29**	GAU	2185	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Japanischer Zierkohl	35	B.rapa ssp.pekinensis	Sandun
40	**S30**	GAU	525	B.oleracea convar.capitata var.capitata	S-S Cross Japan	2371	B.rapa ssp.pekinensis	Kyoto Nr.3
41	**S31**	GAU	513	B.oleracea convar.botrytis var.italica	Spartan Early	35	B.rapa ssp.pekinensis	Sandun
42	**S35**	GAU	521	B.oleracea convar.capitata var.capitata	c-o Cross Early Spring	2009	B.rapa ssp.oleifera	forma gelbsamig
43	**S39**	GAU	525	B.oleracea convar.capitata var.capitata	S-S Cross Japan	383	B.rapa ssp. chinensis	forma
44	**S101**	FUB		B.rapa ssp.rapa	Nr. 3		B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Grünkohl ECD-15

* nc: *Brassica napocampestris*

§ GAU: Georg-August-Universität Göttingen FUB: Freie Universität Berlin DP: Dansk Planteforaedling

Tab. 23: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil III)

	Resyn-Form*	Ausgangseltern						
RFLP Nr.		Her-kunft	Sort -Nr.	Mutter	Form/Sorte	Sort.-Nr.	Vater	Form/Sorte
45	G2	GAU	2330	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Savoy King	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
46	G35	GAU	2330	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Savoy King	2016	B.rapa ssp.oleifera	forma
47	G36	GAU	2169	B.oleracea convar.capitata varcapitata	Braun-schweiger	2909	B.rapa ssp.oleifera	CZ R6-918
48	G43	GAU	525	B.oleracea convar.capitata var.capitata	S-S Cross	383	B.rapa ssp.chinensis	forma
49	G50	GAU	602	B.oleracea convar.acephala var.gongyloides	Erfordia	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
50	G53	GAU	2107	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Headstart A	2486	B.rapa ssp. nipposinica var.perviridis	Tendergreen
51	G56	GAU	2152	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Halbhoher gr. Mooskrauser	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
52	H1	GAU	2185	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Japanischer Zierkohl	35	B.rapa ssp.pekinensis var.laxa	Sandun
53	H31	GAU	587	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Vorbote	2372	B.rapa ssp.pekinensis	Early Hybrid G
54	H37	GAU	2330	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Savoy King	35	B.rapa ssp.pekinensis var.laxa	Sandun
55	H44	GAU	581	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Eisenkopf	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
56	H45	GAU	581	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Eisenkopf	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
57	H54	GAU	587	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Vorbote	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
58	H61	GAU	2422	B.napus ssp.napus var.pabularia	Bremer Scheerkohl	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
59	H102	GAU	587	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Vorbote	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
60	H103	GAU	587	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Vorbote	2372	B.rapa ssp.pekinensis	Early Hybrid G
61	H10ost	GAU	521	B.oleracea convar.capitata var.capitata	c-o-cross Early	43	B.rapa ssp.pekinensis	BRA 122/67
62	H117	GAU	2179	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Eisenkopf	2486	B.rapa ssp. nipposinica var.perviridis	Tendergreen
63	H123	GAU	2184	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Marner September	2486	B.rapa ssp. nipposinica var.perviridis	Tendergreen
64	H175	GAU	486	B.rapa ssp. chinensis	forma	2352	B.napus ssp.napus var.pabularia	Siberian Kale
65	H182	GAU	587	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Vorbote	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
66	H200	GAU	2152	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Halbhoher gr. Mooskrauser	2366	B.rapa ssp.pekinensis	Tip Top Nr.12
67	H214	GAU	2179	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Eisenkopf	454	B.rapa ssp.pekinensis	Pao Tou Ta Pai Tsai

* nc: *Brassica napocampestris*

§ GAU: Georg-August-Universität Göttingen FUB: Freie Universität Berlin DP: Dansk Planteforaedling

Tab. 24: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil IV)

	Resyn-Form*			Ausgangseltern				
RFLP Nr.[1]		Her-kunft	Sort-Nr.	Mutter	Form/Sorte	Sort.-Nr.	Vater	Form/Sorte
68	H251	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2824	B.rapa ssp. pekinenis	Ho46
69	H272	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	43	B.rapa ssp.pekinensis	BRA 122/67
70	H281	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	447	B.rapa ssp.pekinensis	Nagaoha Pride
71	H287a	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2366	B.rapa ssp.pekinensis	Tip Top Nr.12
72	H304	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2367	B.rapa ssp.pekinensis	W.R. Super 80
73	H311	GAU	526	B.oleracea convar.capitata var.capitata	0-S-cross Gigant	2486	B.rapa ssp. nipposinica var.perviridis	Tendergreen
74	H325	GAU	2317	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Stone Head	2362	B.rapa ssp.pekinensis	Spring Giant
75	H340	GAU	362	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	forma	383	B.rapa ssp.chinensis	forma
76	H344	GAU	585	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Praeco	29	B.rapa ssp.pekinensis	Hsiao Pai Kou Pai Tsai
77	H355	GAU	2325	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Hybrid 0	2362	B.rapa ssp.pekinensis	Spring Giant
78	H362	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2366	B.rapa ssp.pekinensis	Tip Top Nr.12
79	H363	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2487	B.rapa ssp.rapa	Just Right
80	H365	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2487	B.rapa ssp.rapa	Just Right
81	H468	GAU	513	B.oleracea convar.botrytis var.italica	Spartan Early	35	B.rapa ssp.pekinensis	Sandun
82	H524	GAU	613	B.oleracea convar.acephala var.gongyloides	forma	170	B.rapa ssp.chinensis	forma
83	K5	GAU	585	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Praeco	833	B.rapa ssp.oleifera	Eskisehir II
84	K9	GAU	585	B.oleracea convar.capitata var.sabauda	Praeco	833	B.rapa ssp.oleifera	Eskisehir II
85	K24	GAU	2152	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Halbhoher Grüner Mooskrauser	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
86	K29	GAU	2152	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Halbhoher gr. Mooskrauser	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
87	K53	GAU	2185	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Japanischer Zierkohl	2909	B.rapa ssp.oleifera	CZ R6-918
88	K59	GAU	2906	B.oleracea convar.botrytis var.italica	Calabrese	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
89	K265	GAU	6401	B.napus ssp.napus var.napus	6401	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
90	K332	GAU	2954*	B.rapa ssp. oleifera	forma annua	2378	B.napus ssp.napobrassica	G50
91	K337	GAU	2954	B.rapa ssp. oleifera	forma annua	2378	B.napus ssp.napobrassica	G50
92	K345	GAU	2954	B.rapa ssp. oleifera	forma annua	2378	B.napus ssp.napobrassica	G50

* nc: *Brassica napocampestris*

[§] GAU: Georg-August-Universität Göttingen FUB: Freie Universität Berlin DP: Dansk Planteforaedling

Tab. 25: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil V)

	Resyn-Form*			Ausgangseltern				
RFLP Nr.[1]		Herkunft	Sort-Nr.	Mutter	Form/Sorte	Sort.-Nr.	Vater	Form/Sorte
93	L90	GAU	2185	B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Japanischer Zierkohl	2824x 2009	B.rapa ssp. pekinenis x	gelbsamig x gelbsamig
94	L118	GAU	585x 2330	B. oleracea convar.capitata var.sabauda x B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Praeco x Savoy King	2016x 2009	B.rapa ssp. oleifera x B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig x gelbsamig
95	L122	GAU	585x 2330	B. oleracea convar.capitata var.sabauda x B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Praeco x Savoy King	2372	B.rapa ssp.pekinensis	Early Hybrid G
96	L127	GAU	1524	B.oleracea	1524	2436	B.rapa ssp.rapa	forma
97	L341	GAU	7686	B.napus ssp.napus	7686	2366	B.rapa ssp.pekinensis	Tip Top Nr.12
98	R7	GAU	2166	B.oleracea convar.botrytis var.italica	Topper BRA 122/670	2138	B.rapa ssp.chinensis	806-6
99	R12	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	29	B.rapa ssp.pekinensis	Hsiao Pai Kou Pai Tsai
100	R18	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	2483	B.rapa ssp.rapa	Wong Bok
101	R19	GAU	182	B.oleracea convar.gemmifera	Ashwell´s	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
102	R20	GAU	182	B.oleracea convar.gemmifera	Ashwell´s	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
103	R27	GAU	521	B.oleracea convar.capitata var.capitata	c-o-cross Early	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
104	R28	GAU	526	B.oleracea convar.capitata var.capitata	0-S-cross Gigant	75	B.rapa ssp.oleifera	BRA 249/65
105	R31	GAU	548	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Badger Ballhead	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
106	R32	GAU	587	B. oleracea convar.capitata var.sabauda	Vorbote	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
107	R54	GAU	2317	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Stone Head	67	B.rapa ssp.pekinensis	forma
108	R61	GAU	2317	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Stone Head	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
109	R63	GAU	2317	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Stone Head	2487	B.rapa ssp.rapa	Just Right
110	R64	GAU	2317	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Stone Head	2487	B.rapa ssp.rapa	Just Right
111	R73	GAU	526	B.oleracea convar.capitata var.capitata	0-S-cross Gigant	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
112	R75	GAU	2032	B.oleracea convar.acephala	Kora 8	2009	B.rapa ssp. oleifera	gelbsamig
113	R76	GAU	2150	B. oleracea convar.botrytis var.alboglabra	966-1-4 SI	833	B.rapa ssp.oleifera	Eskisehir II
114	R99	GAU	2317	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Stone Head	67	B.rapa ssp.pekinensis	forma
115	R137	GAU	2325	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Hybrid 0	456	B.rapa ssp.pekinensis	verbesserter Cantoner
116	R139	GAU	2325	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Hybrid 0	456	B.rapa ssp.pekinensis	verbesserter Cantoner
117	R141	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	456	B.rapa ssp.pekinensis	verbesserter Cantoner

* nc: *Brassica napocampestris*

[§] GAU: Georg-August-Universität Göttingen FUB: Freie Universität Berlin DP: Dansk Planteforaedling

Tab. 26: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil VI)

	Resyn-Form*			Ausgangseltern				
RFLP Nr.[1]		Herkunft	Sort-Nr.	Mutter	Form/Sorte	Sort.-Nr.	Vater	Form/Sorte
118	R158	GAU	2317	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Stone Head	67	B.rapa ssp.pekinensis	forma
119	R184	GAU	2823	B.oleracea convar.capitata var.capitata	Ho41F	29	B.rapa ssp.pekinensis var.laxa	Hsiao Pai Kou Pai Tsai
120	R224	FUB		B.oleracea convar.botrytis var.botrytis			B.rapa ssp. trilocularis	Yellow Sarson
121	RP239	FUB		B.oleracea convar.botrytis var.botrytis			B.rapa ssp. trilocularis	Yellow Sarson
122	S2	FUB		B.rapa ssp.rapa	lange weisse Herbstrübe		B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Grünkohl
123	S4	FUB		B.rapa ssp.rapa	lange weisse Herbstrübe		B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Grünkohl
124	S5	FUB		B.oleracea convar.capitata var.capitata 4x	Weisskohl		B.rapa ssp.oleifera	Lembkes Rübsen
125	S11	FUB		B.oleracea convar.capitata var.sabauda 4x	Wirsing		B.rapa ssp.oleifera annua 4x	Can. So-Rübsen (0+)
126	S14	FUB		B.napus pabularia x B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Schnittkohl x Grünkohl		B.rapa ssp.oleifera	Lembkes Rübsen
127	S16	FUB		B.napus ssp. napus x B.rapa ssp.oleifera	Lembkes Raps x Grubers Rübsen		B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Grünkohl
128	S17	FUB		B.napus ssp. napus x B.oleracea convar.gemmifera	Lembkes Raps x Rosenkohl		B.rapa ssp.oleifera	Lembkes Rübsen
129	S20	SW		B.oleracea convar.acephala var.sabellica	Hammenhögs grönkal		B.rapa ssp.oleifera	Sv03242
130	RS4/2	FUB		B.rapa	I 85-326		"B.oleracea convar. acephala var. sabellica x	
131	RS4/6	FUB		B.rapa ssp.pekinensis	Tokyo King		B.oleracea convar. acephala var. sabellica x B.oleracea convar.gemmifera	WS4
132	RS7/2	FUB		B.rapa	I 85-326		B.oleracea convar.acephala var.medullosa	WS14
133	RS7/6	FUB		B.rapa ssp.pekinensis	Tokyo King		B.oleracea convar.acephala var.medullosa	WS14
134	RS8/2	FUB		B.rapa	I 85-326		B.oleracea convar.acephala var.medullosa x B.oleracea convar. oleracea var. gemmifera	WS15

* nc: *Brassica napocampestris*

[§] GAU: Georg-August-Universität Göttingen FUB: Freie Universität Berlin DP: Dansk Planteforaedling, SW: Svälöf Weibull AB

Tab. 27: Bezeichnung und Abstammung der 142 Resynthesen der RFLP - Analyse (Teil VII)

	Resyn-Form*	Ausgangseltern						
RFLP Nr.[1]		Herkunft	Sort-Nr.	Mutter	Form/Sorte	Sort.-Nr.	Vater	Form/Sorte
135	RS8/5	FUB		B.oleracea convar.acephala var.medullosa x B.oleracea convar. oleracoa var. gemmifera	WS15		B.rapa ssp. nipposinica	forma
136	RS10/4	FUB		B.rapa ssp. chinensis	4		B.oleracea convar.fructicosa	10
137	RS10/6	FUB		B.rapa ssp.pekinensis	6		B.oleracea convar.fructicosa	10
138	RS10/7	FUB		B.rapa ssp. trilocularis	7		B.oleracea convar.fructicosa	10
139	RS13/4	FUB		B.rapa ssp. chinensis	4		B.oleracea convar.botrytis var.alboglabra	13
140	RS13/6	FUB		B.rapa ssp.pekinensis	6		B.oleracea convar.botrytis var.alboglabra	13
141	RS14/3	FUB		B.rapa ssp.rapa	3		B.oleracea convar.botrytis var.alboglabra	14
142	RS14/6	FUB		B.oleracea convar.botrytis var.alboglabra	14		B.rapa ssp. pekinensis	6

* nc: *Brassica napocampestris*

[§] GAU: Georg-August-Universität Göttingen FUB: Freie Universität Berlin DP: Dansk Planteforaedling

Tab. 28: Übersicht über die Sonde-Enzym-Kombinationen der RFLP-Analyse

Sonde	Enzym	Kopplungs-gruppe	Anzahl			
			polym. Fragmente		Bandenmuster	
			CK*	AG	CK*	AG
pRP0150	EcoRI	15	2	5	3	5
pRP0720	EcoRI		3	3	4	4
pRP0835	HindIII		4	7	12	12
pRP0984	HindIII	1, 5	6	8	14	9
pRP1008	HindIII	5	6	8	14	14
pRP1009	EcoRI		6	7	6	8
pRP1042	HindIII	4	6	6	16	9
pRP1086	EcoRI	14	6	8	23	14
pRP1086	HindIII		n. a.	1	n. a.	3
pRP1092	HindIII		2	6	2	6
pRP1093	EcoRI		4	3	6	6
pRP1117a	EcoRI	12, 13, 14, 17	9	9	21	10
pRP1430	EcoRI		3	6	5	6
pRP1432	HindIII		2	2	3	3
pRP1448	HindIII	4	3	4	4	4
pRP1598	EcoRI		3	5	5	5
pRP1590	HindIII	14	4	9	9	9
WG2A01	HindIII		6	8	8	8
WG2A08	EcoRI		4	6	8	8
WG2A10	EcoRI		3	4	4	4
WG2A11	HindIII	1, 2, 3	7	8	14	14
WG2B07	EcoRI		4	3	7	5
WG2D11	EcoRI	18	4	2	5	5

* Ergebnisse aus KNAAK (1996)

Tab. 29: Resynthesen und Hybriden in den Leistungsprüfungen 1998 bis 2000

	LP 98/99			**LP 99/00**		
Resynthese	*Express-* Hybr.	*Falcon-Hybr.*	*Resynthese*	*Express-Hybr.*	*Falcon-Hybr.*	*Resynthese*
G39	+	+	+	+	+	
G65		+	+	+	+	+
G89			+	+	+	+
H4	+	+	+	+	+	+
H30	+	+	+			
H40		+		+	+	+
H48	+	+	+	+	+	+
H65	+	+	+	+	+	
H80/3	+		+	+	+	
H89	+	+		+	+	+
H94	+	+	+	+	+	+
H111/2	+	+	+			
H113	+	+		+	+	+
H128	+	+	+			
H143	+		+	+	+	+
H149		+	+	+	+	+
H165			+	+	+	
H176	+	+	+			
H196			+	+	+	+
H219	+			+	+	+
H226				+	+	+
H231	+			+	+	
H240		+		+	+	
H280	+		+	+	+	+
H295	+	+	+	+	+	+
H327	+	+				
H357				+	+	
H777				+	+	
K306	+		+	+	+	
L16	+	+	+	+	+	+
L35				+	+	+
L239	+		+	+	+	+
R1		+		+	+	+
R8		+		+	+	+
R53	+		+	+	+	+
R59	+		+	+	+	+
R98	+	+	+	+	+	+
R140	+			+	+	+
RS1/2	+			+	+	+
S3	+		+	+	+	+
S9	+	+	+	+	+	+
S12	+	+	+	+	+	+
S13	+	+	+	+	+	+
S27	+	+	+	+	+	
S29	+	+	+	+	+	
S30	+	+		+	+	+
S31	+		+	+	+	+
S35		+	+	+	+	
S39	+			+	+	
S101	+			+	+	+
n	**36**	**28**	**32**	**45**	**45**	**32**

Tab. 30: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 32 Resynthesen (1998/1999) im Vergleich zu den Standards

Linie	Samenertrag (dt/ha)	Ölgehalt (%)	Protein (%)	GSL (µmol/g)	Wuchshöhe (cm)
Express	50,6	45,5	18,0	13,7	143
Falcon	43,8	43,5	17,8	14,3	158
Joker	55,6	43,3	17,9	16,7	162
Mohican	46,7	45,5	16,6	17,4	152
S 3	36,5	44,4	20,4	82,3	151
S 9	28,9	43,4	19,7	66,4	153
S 12	34,9	41,0	19,8	48,5	150
S 13	30,0	42,5	20,0	68,7	146
S 27	30,4	39,9	21,8	44,8	141
S 29	20,5	42,5	21,9	65,1	151
S 31	27,5	41,1	21,2	84,0	134
S 35	27,0	40,9	21,6	39,9	142
G 39	14,7	39,6	21,5	51,1	135
G 65	40,9	43,2	20,0	45,5	150
G 89	33,1	42,9	19,4	43,5	149
H 4	32,1	41,6	21,3	39,3	158
H 30	36,8	40,9	20,6	59,4	148
H 48	40,2	41,2	19,0	55,7	138
H 65	29,0	43,1	20,7	47,8	131
H 80/3	18,3	37,5	24,0	74,4	132
H 94	27,8	39,1	20,6	69,8	150
H 111/2	26,5	40,5	21,2	74,8	150
H 128	31,1	42,0	21,3	31,4	148
H 143	31,2	39,7	21,3	52,7	145
H 149 a	33,2	40,3	21,2	59,5	145
H 165	10,9	38,6	23,2	58,4	121
H 176	39,5	43,6	19,9	41,4	159
H 196	28,7	40,9	21,2	40,2	165
H 295	16,1	39,8	23,0	50,5	136
L 16	29,1	41,8	21,4	55,7	148
L 239	37,3	41,7	20,0	40,8	169
R 53	30,4	44,0	20,5	46,5	153
R 59	29,5	40,8	21,5	79,0	149
R 98	31,6	39,4	22,6	84,0	156
H 280	17,2	40,4	21,2	60,7	142
K 306	8,2	39,8	22,4	55,8	113
MW Standards	49,2	44,4	17,6	15,5	154
LSD (p=0,05)	5,6	1,5	1,4	10,5	15
MW Resyn	28,4	41,2	21,1	56,8	146

Tab. 31: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 32 Resynthesen (1999/2000) im Vergleich zu den Standards

Linie	Samenertrag (dt/ha)	Ölgehalt (%)	Protein (%)	GSL (µmol/g)	Wuchshöhe (cm)
Express	43,5	43,4	21,2	17,9	146,0
Falcon	44,2	41,3	21,4	18,0	164,7
Joker	52,3	42,1	20,5	16,3	169,2
Mohican	45,1	42,0	20,7	19,5	159,9
S3	36,5	40,7	23,5	81,8	162,7
S9	32,3	42,5	22,8	63,2	169,0
S12	32,7	39,4	23,1	44,8	171,7
S13	33,6	40,9	23,7	90,5	166,8
S30	35,2	39,8	22,5	45,2	164,4
S31	25,8	39,6	25,0	64,0	150,9
S101	32,9	40,9	23,9	59,4	167,7
G65	34,5	40,1	23,8	60,7	172,5
G89	31,0	40,4	22,9	22,6	169,9
H4	32,9	39,8	23,4	29,2	170,6
H40	35,9	39,9	22,7	59,5	167,3
H48	42,2	38,1	22,6	55,2	145,8
H89	31,2	38,1	26,3	68,2	139,4
H94	35,8	39,7	22,7	67,1	157,4
H113	27,2	40,9	24,1	86,9	160,5
H143	29,0	39,2	25,4	51,9	158,0
H149	37,9	40,6	23,0	60,7	155,3
H196	35,6	40,6	24,4	45,8	169,9
H219	15,4	38,7	24,4	42,9	140,8
H226	36,1	41,9	22,6	41,2	159,8
H295	30,9	39,8	24,1	39,8	160,2
L16	36,7	39,7	24,3	51,3	159,7
L35	28,8	41,5	23,6	33,4	167,4
L239	39,8	38,5	23,7	48,4	167,9
R1	28,1	38,2	24,7	49,5	154,5
R8	25,0	40,5	24,1	71,6	143,4
R53	26,9	39,9	24,3	43,9	160,1
R59	23,4	39,5	24,3	76,3	152,1
R98	28,4	39,3	24,5	70,3	155,0
R140	34,2	40,1	23,1	50,6	161,2
RS 1/2	44,6	41,0	22,1	50,4	177,5
H 280	28,6	38,7	23,7	66,2	155,8
MW Standards	46,3	42,2	21,0	17,9	159,9
LSD (p=0,05)	4,5	2,5	1,3	5,8	10,2
MW Resyn	32,2	40,0	23,7	56,0	160,5

Tab. 32: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 36 *Express* x Resyn Hybriden (1998/1999) im Vergleich zu den Standards

Linie/Hybride	Samenertrag (dt/ha)	Ölgehalt (%)	Protein (%)	GSL (µmol/g)	Wuchshöhe (cm)
Express	45,7	44,9	18,3	15,7	153,0
Falcon	40,3	43,0	18,1	15,2	168,6
Joker	46,4	42,6	18,3	15,4	171,4
Mohican	39,3	43,8	18,2	17,2	164,2
S3	49,4	44,2	19,9	54,4	165,9
S9	43,6	44,8	19,4	45,6	175,5
S12	43,2	41,3	20,4	26,6	175,3
S13	43,2	45,0	18,6	50,5	169,9
S27	34,7	41,5	20,8	33,7	167,2
S29	45,9	43,5	20,2	39,1	173,9
S30	45,6	42,7	19,7	24,4	165,0
S31	46,7	43,3	19,4	46,7	166,6
S39	42,5	41,9	20,7	39,2	168,4
S101	46,2	44,0	20,2	47,6	174,2
G39	40,0	42,8	20,0	32,7	167,1
H4	46,5	43,0	19,5	21,2	178,3
H30	45,9	42,8	19,4	41,1	164,3
H65	48,1	43,1	19,3	24,2	179,3
H803	44,2	42,0	20,1	44,7	168,5
H89	44,4	42,0	20,7	46,0	165,3
H94	47,9	42,5	19,7	41,5	177,9
H111/2	41,3	41,6	20,8	54,6	169,5
H113	45,8	43,9	20,0	58,4	171,4
H128	44,0	42,7	20,5	20,7	172,1
H143	42,1	40,9	21,3	26,7	165,1
H176	47,9	44,1	19,4	29,0	175,3
H219	39,3	42,3	19,9	31,2	161,7
H295	45,4	43,5	20,6	33,5	170,2
H327	42,0	43,4	20,0	41,2	184,7
L16	39,4	42,2	20,7	40,5	166,8
L239	48,6	43,0	19,5	23,8	173,7
R59	48,5	43,5	19,4	48,1	175,1
R140	45,9	42,2	20,3	38,3	166,6
RS1/2	48,4	43,8	19,2	40,9	180,0
H280	42,4	41,5	20,6	58,2	164,8
K306	42,8	42,7	20,9	47,4	170,1
H48	52,3	42,1	19,5	36,9	174,9
R53	51,5	43,9	20,1	30,4	172,9
R98	50,4	41,9	21,1	56,2	177,8
H231	45,8	42,7	21,5	32,4	167,0
MW Standards	42,9	43,6	18,2	15,9	164,3
LSD (p=0,05)	5,0	1,1	1	4,5	8,7
MW Hybriden	45,0	42,8	20,1	39,1	171,2

Tab. 33: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 45 *Express* x Resyn Hybriden (1999/2000) im Vergleich zu den Standards

Linie/Hybride	Samenertrag (dt/ha)	Ölgehalt (%)	Protein (%)	GSL (µmol/g)	Wuchshöhe (cm)
Express	38,4	42,6	21,7	17,6	156,0
Falcon	36,2	40,3	21,8	16,4	168,8
Pronto	42,7	40,6	21,5	17,0	171,5
Mohican	38,4	42,9	20,3	19,0	160,9
S3	40,6	42,7	21,8	47,6	172,0
S9	38,7	43,2	22,8	47,9	180,0
S13	41,4	42,5	22,4	42,6	175,8
S27	40,3	40,4	23,4	22,8	170,3
S29	41,1	41,8	22,7	39,6	173,9
S30	41,9	41,9	21,6	22,2	171,3
S31	41,7	41,7	22,2	26,1	173,5
S35	36,8	40,7	23,4	23,7	170,2
S39	38,4	41,5	22,8	36,7	177,0
S101	41,4	41,8	22,7	38,2	175,5
G39	39,7	41,7	22,0	21,2	174,8
G65	41,5	42,2	21,9	26,5	173,2
G89	40,9	41,7	21,9	17,8	171,6
H4	38,0	40,8	22,6	18,2	175,1
H40	41,4	41,2	22,3	22,7	174,2
H48	43,2	40,0	22,4	31,3	169,7
H65	42,1	42,0	22,0	22,7	172,0
H803	41,2	41,3	22,0	26,8	172,3
H89	41,6	41,1	22,7	31,8	167,4
H94	41,6	41,1	22,3	36,9	171,2
H113	39,1	42,0	22,5	37,2	171,3
H143	39,3	40,5	23,1	23,6	170,5
H149	41,6	41,4	21,8	24,4	172,8
H165	41,9	40,8	22,5	21,8	173,3
H196	41,5	40,9	22,6	28,9	184,3
H219	38,6	40,3	22,7	22,0	169,3
H226	41,2	41,9	22,4	22,9	167,6
H231	42,4	41,2	21,9	18,7	170,0
H240	41,7	41,3	22,3	29,9	171,0
H295	41,3	41,3	22,4	23,5	174,4
S12	39,6	40,9	22,1	31,6	171,5
H357	41,8	41,2	22,4	22,3	173,4
H777	40,9	41,4	21,9	21,4	169,7
L16	40,8	41,0	22,6	30,3	173,4
L35	42,1	41,0	22,2	19,6	175,0
L239	41,9	40,1	22,6	32,6	177,8
R1	40,4	40,7	22,4	25,2	176,3
R8	40,4	41,1	22,2	30,2	169,4
R53	41,6	41,6	21,7	21,5	170,3
R59	41,3	41,6	22,8	43,7	176,1
R98	42,1	40,7	23,2	36,5	173,5
R140	39,6	40,9	22,7	39,3	169,1
RS 1/2	43,1	41,8	21,8	31,9	176,8
H 280	38,9	40,5	22,4	34,0	171,0
K306	37,7	39,7	23,3	26,3	171,2
MW Standards	39,0	41,6	21,3	17,5	164,3
LSD (p=0,05)	3,0	0,9	0,8	3,2	6,1
MW Hybriden	40,8	41,3	22,4	28,9	172,9

Tab. 34: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 28 *Falcon* x Resyn Hybriden (1998/1999) im Vergleich zu den Standards

Linie/Hybride	Samenertrag (dt/ha)	Ölgehalt (%)	Protein (%)	GSL (µmol/g)	Wuchshöhe (cm)
Express	44,4	45,0	18,3	13,2	151,7
Falcon	40,0	42,5	18,2	12,4	160,5
Joker	47,1	42,4	18,4	15,4	169,4
Mohican	39,9	44,0	17,7	15,1	161,9
S9	45,1	43,7	19,7	41,9	179,2
S12	42,7	40,8	19,3	27,2	181,2
S13	43,6	42,7	19,9	50,0	172,2
S27	42,9	40,8	20,5	34,1	172,9
S29	45,2	43,0	19,7	42,1	181,4
S30	44,7	41,5	20,0	30,3	172,4
S35	47,6	41,9	20,4	23,4	174,2
G39	40,8	41,7	19,9	32,7	172,0
G65	48,9	44,3	19,5	27,0	163,6
H4	42,0	42,2	19,4	21,1	174,7
H30	40,7	41,8	19,5	37,7	167,5
H40	43,9	42,6	19,6	48,5	178,3
H48	49,1	40,9	19,7	37,3	172,3
H65	45,7	42,8	20,3	27,9	168,2
H89	43,1	41,2	19,9	46,5	169,7
H94	44,0	40,9	19,9	48,1	178,5
H111/2	39,5	41,1	20,2	57,0	172,8
H113	45,1	43,1	20,0	57,2	178,2
H128	45,0	42,4	20,0	18,7	175,3
H149a	46,1	42,3	19,4	44,6	170,4
H176	43,9	44,1	18,7	25,5	173,2
H240	38,6	42,3	19,3	37,8	170,9
H295	42,9	42,4	20,8	36,3	180,2
H327	42,8	42,0	21,3	42,7	185,0
L16	42,7	42,4	20,2	35,1	179,5
R1	43,0	41,6	19,2	35,7	169,9
R8	42,4	40,7	19,6	46,9	178,1
R98	44,2	39,9	21,5	64,0	178,2
MW Standards	42,9	43,5	18,2	14	160,9
LSD (p=0,05)	6,0	0,98	0,95	3,7	9,5
MW Hybriden	43,8	42	19,9	38,5	174,6

Tab. 35: Ertrag und Qualitätsmerkmale von 45 *Falcon* x Resyn Hybriden (1999/2000) im Vergleich zu den Standards

Linie/Hybride	Samenertrag (dt/ha)	Ölgehalt (%)	Protein (%)	GSL (µmol/g)	Wuchshöhe (cm)
Express	38,9	42,0	22,0	17,5	152,2
Falcon	38,5	40,6	21,6	16,1	171,4
Pronto	44,2	40,6	21,6	16,6	171,2
Mohican	38,9	42,6	20,6	20,2	161,4
S3	42,4	41,3	22,8	52,7	176,1
S9	38,5	42,6	22,5	43,9	180,1
S13	40,4	41,7	22,3	45,8	178,7
S27	41,0	40,2	22,6	21,6	168,7
S29	39,4	41,3	22,7	40,5	178,9
S30	42,0	41,1	21,6	23,8	178,9
S31	41,8	41,0	21,9	26,3	175,8
S35	36,7	39,6	23,9	23,5	179,1
S39	40,3	41,1	22,1	32,1	177,2
S101	40,7	40,9	22,9	37,7	179,8
G39	41,8	40,5	22,5	19,3	176,2
G65	40,8	41,0	21,9	22,0	177,8
G89	40,2	40,4	22,3	16,5	175,6
H4	40,1	41,0	21,6	18,6	181,2
H40	41,4	41,0	21,9	22,4	175,9
H48	42,9	39,4	22,5	32,5	179,0
H65	41,0	41,8	21,2	19,5	172,2
H803	40,2	40,8	21,8	25,9	177,4
H89	40,2	40,4	22,3	28,2	178,4
H94	41,0	40,8	21,7	37,0	177,0
H113	41,1	41,4	21,7	31,3	178,9
H143	38,2	40,1	22,1	22,0	173,0
H149	41,0	40,6	21,9	23,9	172,4
H165	39,0	39,7	22,4	20,7	176,9
H196	42,1	39,9	22,9	29,6	183,4
H219	39,1	40,0	22,2	22,5	170,1
H226	39,4	41,3	21,8	21,2	174,2
H231	40,6	41,0	21,6	18,4	176,3
H240	40,4	41,0	21,7	26,1	173,3
H295	39,3	40,6	22,0	19,2	173,2
S12	38,3	39,5	22,2	28,8	181,3
H357	40,6	40,3	22,1	19,5	177,0
H777	41,3	40,3	21,8	19,7	176,7
L16	40,6	40,5	22,5	28,4	180,0
L35	41,4	40,7	21,9	20,1	179,7
L239	42,2	39,0	22,5	33,2	184,3
R1	39,4	40,5	21,9	25,1	177,3
R8	39,7	40,4	22,0	29,8	178,6
R53	40,7	40,8	21,8	22,3	182,1
R59	40,6	41,4	22,3	41,8	173,3
R98	41,0	40,0	22,6	32,9	179,7
R140	38,9	40,0	22,5	34,7	173,5
RS 1/2	39,4	40,3	22,5	31,3	182,7
H 280	40,3	40,7	21,7	28,5	180,8
K306	37,3	41,0	21,3	23,8	173,5
MW Standards	40,1	41,4	21,4	17,6	164,0
LSD (p=0,05)	3,2	0,95	0,9	3,1	6,9
MW Hybriden	40,3	40,6	22,2	27,7	177,3

Tab. 36: Ergebnisse der Varianzanalyse für das Merkmal Proteingehalt (1999, 4 Orte)

	Express x Resyn			*Falcon* x Resyn			Resynthesen		
Var. Ursache	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp
S	39	2,7**	0,6	31	2,2**	0,5	35	9,7**	2,2
O	3	73,5**	1,8	3	43,1**	1,3	3	55,7**	1,5
SO	114	0,4	0,0	93	0,3	0,0	103	0,9**	0,5
Fehler	97	0,4	0,4	88	0,3	0,3	118	0,4	0,4
	Express x Resyn			*Falcon* x Resyn			Resynthesen(3 Orte)		
Var. Ursache	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp
S	48	1,2**	0,2	48	1,0**	0,1	35	5,0**	1,5
O	3	47,0**	1,0	3	80,5**	1,6	2	4,5**	0,1
SO	144	0,3*	0,1	144	0,4*	0,1	70	0,7**	0,4
Fehler	144	0,2	0,2	155	0,3	0,3	75	0,3	0,3

*,** signifikant bei p=0.05 bzw. 0,01

Tab. 37: Ergebnisse der Varianzanalyse für das Merkmal Wuchshöhe (1999, 4 Orte)

	Express x Resyn			*Falcon* x Resyn			Resynthesen		
Var. Ursache	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp
S	39	108,9**	19,8	31	181,0**	36,4	35	519,7**	100,5
O	3	13634,3**	340,1	3	20673,5**	644,9	3	16092,8**	443,8
SO	114	29,7**	16,8	93	35,6*	13,2	103	117,6**	73,4
Fehler	100	12,9	12,9	98	22,4	22,4	109	44,1	44,1
S	48	74,5**	13,8	48	104,9**	22,2	35	266,7**	75,8
O	3	15705,5**	320,1	3	8374,4**	170,6	2	4305,3**	118,5
SO	144	19,1*	5,9	144	15,9	0,6	70	39,3**	21,3
Fehler	144	13,2	13,2	144	15,3	15,3	75	17,9	17,9

*,** signifikant bei p=0.05 bzw. 0,01

Tab. 38 Absolute und relative Leistung von 50 Express x Resynthese Testkreuzungen

Resyn Nr.	Hybride	Vers	Ertrag (dt/ha)	Ölgeh. (%)	Protein (%)	GSL (µmol /g)	Wuchs-höhe (cm)	Ertrag (%)	Ölgeh (%)	Protein (%)	GSL (%)	Wuchs-höhe (%)
	Express	a	42,0	44,1	19,7	16,7	151,7	102,7	102,7	101,1	99,7	94,4
	Falcon	a	38,3	42,0	19,7	15,8	164,6	93,5	97,8	100,9	94,4	102,5
	Joker	a	44,5	42,0	19,6	16,3	167,3	108,8	97,8	100,3	97,1	104,1
	Mohican	a	38,9	43,7	19,0	18,2	159,1	95,0	101,7	97,6	108,8	99,0
1	S3	a	45,0	43,9	20,4	51,4	164,7	109,9	102,3	104,7	307,0	102,5
2	S9	a	41,2	44,4	20,8	47,4	173,9	100,6	103,3	106,5	282,9	108,2
3	S12	a	41,4	41,6	20,8	29,7	169,1	101,2	96,9	106,5	177,1	105,3
4	S13	a	42,3	43,9	20,3	46,4	167,8	103,2	102,3	104,4	277,1	104,4
5	S27	a	37,5	41,3	21,8	28,3	163,6	91,6	96,1	111,7	168,8	101,8
6	S29	a	43,5	43,0	21,2	40,1	169,4	106,3	100,1	108,7	239,5	105,4
7	S30	a	43,8	42,7	20,1	23,1	164,7	106,9	99,5	103,1	138,2	102,5
8	S31	a	44,6	43,1	20,4	36,6	166,0	109,0	100,3	104,5	218,8	103,3
9	S39	a	40,4	42,2	21,3	37,1	169,0	98,8	98,2	109,1	221,5	105,1
10	S101	a	43,8	43,2	21,2	43,3	170,5	107,0	100,7	108,6	258,4	106,1
11	G39	a	39,6	42,6	20,7	27,0	166,1	96,8	99,1	106,0	161,3	103,3
12	H4	a	42,2	42,2	20,8	20,1	171,6	103,2	98,3	106,5	120,3	106,8
13	H48	a	47,7	41,5	20,6	34,1	165,8	116,6	96,5	105,8	203,6	103,2
14	H65	a	45,1	42,9	20,3	23,8	171,4	110,2	99,9	104,4	142,2	106,7
15	H80/3	a	42,7	42,0	20,8	36,5	165,9	104,3	97,7	106,5	218,0	103,2
16	H89	a	43,0	42,0	21,3	39,5	162,3	105,1	97,8	109,2	236,2	101,0
17	H94	a	44,8	42,2	20,6	40,1	169,2	109,4	98,3	105,7	239,5	105,3
18	H113	a	42,5	43,4	20,9	48,8	167,3	103,8	101,0	107,3	291,6	104,1
19	H143	a	40,7	41,1	21,8	25,7	165,0	99,3	95,7	112,0	153,6	102,7
20	H219	a	38,9	41,5	21,0	26,3	160,7	95,1	96,7	107,6	157,2	100,0
21	H231	a	44,1	42,2	21,5	25,1	164,6	107,7	98,3	110,3	149,7	102,4
22	H295	a	43,5	42,7	21,2	28,3	168,0	106,3	99,5	108,6	169,2	104,5
23	L16	a	40,3	42,0	21,3	35,3	165,8	98,5	97,7	109,3	210,9	103,2
24	L239	a	45,3	41,9	20,8	28,8	172,0	110,6	97,5	106,5	172,2	107,1
25	R53	a	46,5	43,1	20,6	26,1	167,2	113,7	100,4	105,8	155,9	104,1
26	R59	a	44,9	42,9	20,8	45,8	171,1	109,7	99,8	106,9	273,4	106,5
27	R98	a	46,3	41,8	21,8	46,1	171,0	113,0	97,2	111,9	275,4	106,4
28	R140	a	42,7	42,0	21,2	39,1	163,8	104,4	97,7	108,5	233,6	101,9
29	RS1/2	a	45,8	43,0	20,3	37,2	173,8	111,8	100,2	104,1	222,3	108,1
30	H280	a	40,6	41,4	21,2	44,1	163,6	99,3	96,3	108,6	263,4	101,8
31	K306	a	40,2	41,7	21,6	37,6	165,8	98,3	97,0	111,0	224,4	103,2
	MW Stds.		**40,9**	**43,0**	**19,5**	**16,7**	**160,7**					
	LSD (p=0,05)		**4,6**	**1,0**	**1,0**	**11,8**	**6,4**	**11,3**	**2,3**	**5**	**70,5**	**4**
	MW Hybriden		**42,9**	**42,4**	**20,9**	**35,4**	**167,4**	**104,9**	**98,8**	**107,4**	**211,8**	**104,2**

a = zweijährig, b= in 1999, c = in 2000 getestet

Tab. 39 Absolute und relative Leistung von 50 Express x Resynthese Testkreuzungen

Resyn Nr.	Hybride	Vers.	Ertrag (dt/ha)	Ölgeh. (%)	Protein (%)	GSL (µmol /g)	Wuchs-höhe (cm)	Ertraggg (%)	Ölgeh(%)	Protein (%)	GSL (%)	Wuchs-höhe (%)
	Express	b	45,7	45,7	17,7	15,8	147,4	106,4	103,0	100,5	98,6	93,8
	Falcon	b	40,3	43,7	17,5	15,2	160,4	93,9	98,6	99,1	95,2	102,2
	Joker	b	46,4	43,4	17,7	15,5	163,1	108,1	98,0	100,1	96,9	103,8
	Mohican	b	39,3	44,5	17,7	17,5	157,4	91,6	100,4	100,4	109,3	100,2
32	H30	b	45,9	43,5	18,9	42,3	157,6	106,9	98,1	106,9	264,6	100,3
33	H111/2	b	41,3	42,2	20,2	56,8	161,8	96,2	95,3	114,2	355,1	103,0
34	H128	b	44,0	43,4	19,9	21,9	165,3	102,5	98,0	112,7	136,9	105,2
35	H176	b	47,9	45,1	18,7	29,4	166,1	111,6	101,6	106,2	183,7	105,7
36	H327	b	42,0	44,1	19,6	42,8	171,5	97,8	99,5	111,1	267,8	109,2
	MW Stds		**42,9**	**44,3**	**17,6**	**16,0**	**157,1**					
	LSD (p=0,05)		**5,1**	**0,9**	**0,8**	**4,5**	**7,6**	**11,8**	**2,0**	**4,8**	**28,2**	**4,9**
	MW Hybriden		**45,0**	**43,6**	**19,4**	**39,6**	**162,4**	**105,0**	**98,4**	**110,2**	**147,9**	**103,4**
	Express	c	38,4	42,6	21,7	17,6	156,0	98,5	102,3	101,9	100,6	94,9
	Falcon	c	36,2	40,3	21,8	16,4	168,8	92,9	96,9	102,5	93,6	102,8
	Joker	c	42,7	40,6	21,5	17,0	171,5	109,5	97,6	100,7	97,1	104,4
	Mohican	c	38,4	42,9	20,3	19,0	160,9	98,6	103,0	95,4	108,3	97,9
37	S35	c	36,8	40,7	23,4	23,7	170,2	94,4	97,8	110,0	135,4	103,6
38	G65	c	41,5	42,2	21,9	26,5	173,2	106,3	101,4	102,9	151,6	105,4
39	G89	c	40,9	41,7	21,9	17,8	171,6	104,8	100,1	102,9	101,9	104,4
40	H40	c	41,4	41,2	22,3	22,7	174,2	106,3	99,0	104,5	129,7	106,0
41	H149	c	41,6	41,4	21,8	24,4	172,8	106,6	99,6	102,2	139,2	105,1
42	H165	c	41,9	40,8	22,5	21,8	173,3	107,5	98,0	105,6	124,5	105,5
43	H196	c	41,5	40,9	22,6	28,9	184,3	106,4	98,3	106,0	164,9	112,2
44	H226	c	41,2	41,9	22,4	22,9	167,6	105,5	100,7	105,0	131,0	102,0
45	H240	c	41,7	41,3	22,3	29,9	171,0	106,9	99,3	104,7	170,7	104,1
46	H357	c	41,8	41,2	22,4	22,3	173,4	107,1	99,1	105,2	127,7	105,5
47	H777	c	40,9	41,4	21,9	21,4	169,7	104,8	99,5	103,0	122,1	103,3
48	L35	c	42,1	41,0	22,2	19,6	175,0	107,9	98,6	104,2	112,1	106,5
49	R1	c	40,4	40,7	22,4	25,2	176,3	103,7	97,9	104,9	144,1	107,3
50	R8	c	40,4	41,1	22,2	30,2	169,4	103,6	98,7	104,2	172,7	103,1
	MW Stds.		**39,0**	**41,6**	**21,3**	**17,5**	**164,3**					
	LSD (p=0,05)		**3,0**	**0,9**	**0,8**	**3,2**	**6,1**	**7,73**	**2,24**	**3,8**	**18,36**	**3,72**
	MW Hybriden		**40,8**	**41,3**	**22,4**	**28,9**	**172,9**	**104,6**	**99,25**	**105**	**165,5**	**105,2**

a = zweijährig, b= in 1999, c = in 2000 getestet

Tab. 40: Absolute und relative Leistung von 50 Falcon x Resynthese Testkreuzungen

Resyn Nr.	Hybride	Vers.	Ertrag (dt/ha)	Ölgeh.(%)	Protein (%)	GSL (µmol/g)	Wuchshöhe (cm)	Ertrag (%)	Ölgeh. (%)	Protein (%)	GSL (%)	Wuchshöhe (%)
	Express	a	41,6	43,8	19,9	15,9	147,7	100,3	102,4	101,9	97,9	93,8
	Falcon	a	39,3	41,8	19,7	14,7	160,6	94,6	97,6	100,8	90,8	102,0
	Joker	a	45,6	41,9	19,7	16,4	164,4	110,0	97,8	100,7	100,9	104,4
	Mohican	a	39,4	43,7	18,9	17,9	157,3	94,9	102,1	96,6	110,5	99,9
1	S9	a	41,8	43,8	20,5	43,5	175,2	100,7	102,4	104,4	268,5	111,2
2	S12	a	40,5	40,7	20,3	28,9	173,1	97,5	95,1	103,7	178,1	109,9
3	S13	a	42,0	42,8	20,6	47,9	169,1	101,3	99,9	105,4	295,5	107,4
4	S27	a	41,9	40,9	21,4	27,7	165,0	101,0	95,6	109,2	171,0	104,8
5	S29	a	42,3	42,6	20,9	42,0	174,5	102,0	99,6	106,5	259,2	110,8
6	S30	a	43,4	41,6	20,6	27,5	170,6	104,5	97,1	105,0	169,5	108,3
7	S35	a	42,1	41,3	21,7	24,1	171,5	101,5	96,5	110,6	148,8	108,9
8	G39	a	41,3	41,6	20,8	25,5	165,3	99,4	97,1	106,4	157,3	104,9
9	G65	a	44,9	43,1	20,3	24,9	164,6	108,1	100,7	103,8	153,6	104,5
10	H4	a	41,0	41,7	20,4	20,1	172,2	98,9	97,5	104,2	124,1	109,4
11	H40	a	42,7	42,3	20,3	35,8	171,6	102,8	99,0	103,9	220,6	109,0
12	H48	a	46,0	40,6	20,8	35,1	169,3	110,8	94,9	106,1	216,6	107,5
13	H65	a	43,3	42,8	20,4	23,7	163,5	104,4	100,1	104,1	146,0	103,8
14	H89	a	41,7	41,3	20,7	37,4	166,1	100,4	96,6	105,7	230,5	105,5
15	H94	a	42,5	41,1	20,5	42,2	169,5	102,4	96,1	104,9	260,6	107,6
16	H113	a	43,1	42,3	20,4	44,6	172,8	103,9	98,8	104,4	274,9	109,7
17	H149	a	43,6	41,7	20,5	34,6	166,3	105,0	97,4	104,6	213,5	105,6
18	H240	a	39,5	42,0	20,2	31,0	166,9	95,2	98,1	103,4	191,1	106,0
19	H295	a	41,1	41,9	21,1	27,9	171,6	99,1	97,9	107,6	172,0	108,9
20	L16	a	41,6	41,9	21,0	31,6	172,8	100,3	97,9	107,0	194,9	109,7
21	R1	a	41,2	41,4	20,3	30,5	165,6	99,2	96,8	103,6	188,4	105,2
22	R8	a	41,1	41,0	20,6	38,0	172,0	98,9	95,7	105,0	234,3	109,2
23	R98	a	42,6	40,4	21,6	48,3	173,7	102,6	94,4	110,2	297,7	110,3
MW Standards		**a**	**41,5**	**42,8**	**19,6**	**16,2**	**157,5**	**41,5**	**42,8**	**19,6**	**16,2**	**157,5**
LSD (p=0,05)		**a**	**4,0**	**1,0**	**0,8**	**14,0**	**6,4**	**9,7**	**2,4**	**4,2**	**86,1**	**4,1**
MW Hybriden		**a**	**42,2**	**41,8**	**20,7**	**33,6**	**169,7**	**101,8**	**97,6**	**105,6**	**207,3**	**107,8**

a = zweijährig, b= in 1999, c = in 2000 getestet

Tab. 41: Absolute und relative Leistung von 50 Falcon x Resynthese Testkreuzungen

Resyn Nr.	Hybride	Vers	Ertrag (dt/ha)	Ölgeh.(%)	Protein (%)	GSL (µmol/g)	Wuchshöhe (cm)	Ertrag (%)	Ölgeh. (%)	Protein (%)	GSL (%)	Wuchshöhe (%)
	Express	b	44,4	45,0	18,3	13,2	151,7	103,6	103,5	100,9	94,1	94,3
	Falcon	b	40,0	42,5	18,2	12,4	160,5	93,4	97,7	100,4	88,7	99,8
	Joker	b	47,1	42,4	18,4	15,4	169,4	109,9	97,6	101,4	109,5	105,3
	Mohican	b	39,9	44,0	17,7	15,1	161,9	93,0	101,2	97,4	107,7	100,6
24	H30	b	40,7	41,8	19,5	37,7	167,5	95,0	96,2	107,4	269,3	104,1
25	H111/2	b	39,5	41,1	20,2	57,0	172,8	92,3	94,5	111,1	406,4	107,4
26	H128	b	45,0	42,4	20,0	18,7	175,3	105,1	97,6	110,4	133,2	109,0
27	H176	b	43,9	44,1	18,7	25,5	173,2	102,5	101,4	103,1	182,1	107,7
28	H327	b	42,8	42,0	21,3	42,7	185,0	100,0	96,6	117,3	304,9	115,0
MW Standards			**42,9**	**43,5**	**18,2**	**14,0**	**160,9**	**42,9**	**43,5**	**18,2**	**14,0**	**160,9**
LSD (p=0,05)			**6,0**	**1,0**	**1,0**	**3,7**	**9,5**	**14,1**	**2,3**	**5,2**	**26,5**	**5,9**
MW Hybriden			**43,8**	**42,0**	**19,9**	**38,5**	**174,6**	**102,2**	**96,7**	**109,6**	**274,5**	**108,6**
	Express	c	38,9	42,0	22,0	17,5	152,2	96,9	101,4	102,5	99,5	92,8
	Falcon	c	38,5	40,6	21,6	16,1	171,4	96,0	97,9	100,8	91,2	104,5
	Joker	c	44,2	40,6	21,6	16,6	171,2	110,1	97,9	100,7	94,1	104,4
	Mohican	c	38,9	42,6	20,6	20,2	161,4	97,1	102,8	96,0	115,0	98,4
29	S3	c	42,4	41,3	22,8	52,7	176,1	105,6	99,8	106,3	299,1	107,4
30	S31	c	41,8	41,0	21,9	26,3	175,8	104,1	98,9	102,4	149,4	107,2
31	S39	c	40,3	41,1	22,1	32,1	177,2	100,4	99,2	103,2	182,5	108,0
32	S101	c	40,7	40,9	22,9	37,7	179,8	101,3	98,7	107,0	214,4	109,6
33	G89	c	40,2	40,4	22,3	16,5	175,6	100,3	97,5	103,9	93,8	107,0
34	H80/3	c	40,2	40,8	21,8	25,9	177,4	100,2	98,4	101,9	147,1	108,2
35	H143	c	38,2	40,1	22,1	22,0	173,0	95,2	96,8	103,3	124,9	105,4
36	H165	c	39,0	39,7	22,4	20,7	176,9	97,3	95,8	104,6	117,3	107,9
37	H196	c	42,1	39,9	22,9	29,6	183,4	104,8	96,3	106,7	168,1	111,8
38	H219	c	39,1	40,0	22,2	22,5	170,1	97,5	96,5	103,6	127,8	103,7
39	H226	c	39,4	41,3	21,8	21,2	174,2	98,1	99,6	101,8	120,4	106,2
40	H231	c	40,6	41,0	21,6	18,4	176,3	101,1	98,9	100,9	104,5	107,5
41	H357	c	40,6	40,3	22,1	19,5	177,0	101,1	97,3	103,2	110,9	107,9
42	H777	c	41,3	40,3	21,8	19,7	176,7	102,9	97,3	101,7	111,8	107,7
43	L35	c	41,4	40,7	21,9	20,1	179,7	103,3	98,3	102,3	114,1	109,6
44	L239	c	42,2	39,0	22,5	33,2	184,3	105,1	94,1	105,1	188,4	112,3
45	R53	c	40,7	40,8	21,8	22,3	182,1	101,4	98,4	102,0	126,8	111,0
46	R59	c	40,6	41,4	22,3	41,8	173,3	101,3	99,9	104,3	237,6	105,7
47	R140	c	38,9	40,0	22,5	34,7	173,5	97,0	96,6	105,2	196,9	105,8
48	RS1/2	c	39,4	40,3	22,5	31,3	182,7	98,3	97,3	105,1	178,0	111,4
49	H280	c	40,3	40,7	21,7	28,5	180,8	100,4	98,1	101,1	161,8	110,2
50	K306	c	37,3	41,0	21,3	23,8	173,5	92,9	99,0	99,5	135,1	105,8
MW Standards		**c**	**40,4**	**41,4**	**21,4**	**17,6**	**164,0**	**40,4**	**41,4**	**21,4**	**17,6**	**164,0**
LSD (p=0,05)		**c**	**3,7**	**1,0**	**0,9**	**3,1**	**6,9**	**9,1**	**2,3**	**4,3**	**17,4**	**4,2**
MW Hybriden		**c**	**41,0**	**40,6**	**22,2**	**27,7**	**177,3**	**101,5**	**98,1**	**103,4**	**157,2**	**108,1**

a = zweijährig, b= in 1999, c = in 2000 getestet

Tab. 42: Mittlere Abweichungsquadrate und Varianzkomponenten der Analyse der Kombinationseignung von F_1-Hybriden für das Merkmal Samenertrag

16 TK x 2 Jahre				21 TK 1999				45 TK 2000		
Var. Ursache	FG	MQ	Var.cp	Var. Ursache	FG	MQ	Var.cp	FG	MQ	Var.cp
T	1	29,5	-0,6	T	1	64,7	-1,2	1	21,5^{+}	0,1
Y	1	1105,4	3,9							
O	4	4782,3*	67,3	O	4	2541,9**	60,2	4	8680,7**	96,4
R	15	60,6^{+}	1,4	R	20	68,3**	4,0	44	15,1**	0,9
YT	1	9,8	0,0							
OT	4	130,8**	3,7	OT	4	188,0**	8,3	4	1105,5**	24,4
RT	15	17,5	0,4	RT	20	25,2	2,1*	44	3,9	-0,4
OY	4	476,1**	14,5							
RY	15	29,7**	1,6							
RO	60	15,7	0,5	RO	80	28,3	6,8**	176	6,0	0,0
ROYT	197	13,6	13,6	ROT	78	14,7	14,7	176	6,1	6,1
Total	317			Total	207			449		

*,** signifikant bei p=0.05 bzw. 0,01

Danksagung

Herrn Prof. Dr. Heiko Becker danke ich für die Überlassung des Themas sowie die Diskussionsbereitschaft und wissenschaftliche Betreuung bei der Anfertigung dieser Arbeit.

Herrn Professor Dr. R. Rauber danke ich für die Übernahme der Korreferats.

Allen Mitarbeitern des Instituts danke ich vielmals für die gute Zusammenarbeit und ein ausgesprochen angenehmes Arbeitsklima. Für ihre uneingeschränkte Mithilfe bei der Projektdurchführung danke ich besonders Sonja Yaman, Bettina Onken und Nicole Ritgen.
Ein besonderer Dank gebührt Uwe Ammermann, Andreas Henn und Gerald Miotke für vielseitige technische Hilfe und persönliche Unterstützung.

Für viele wissenschaftliche Anregungen und kritischen Beistand danke ich meinen Kollegen und Freunden am Göttinger Institut. Hier möchte ich insbesondere Antje Schierholt, Bettina Kessel, und Kemal Gül hervorheben.

Mein Dank gilt auch den Mitarbeitern der bei der Versuchsdurchführung beteiligten Saatzuchtunternehmen Deutsche Saatveredlung (DSV), KWS Saat AG, Saatzucht Hadmersleben GmbH und der Norddeutschen Pflanzenzucht (NPZ).

Das dieser Dissertation zugrundeliegende Forschungsvorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BVEL) und der Gesellschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP) gefördert.

Lebenslauf

Persönliche Daten:

Andreas Girke
geboren am 24.12.1967 in Leeseringen
email: agirke@gmx.de

Schulausbildung:

1974-1978	Grundschule Estorf
1978-1980	Orientierungsstufe Nienburg
1980-1984	Realschule Nienburg
1984-1987	Albert-Schweitzer-Gymnasium Nienburg

Berufsausbildung:

Aug. 1988-Juli 1990	Ausbildung zum Gärtner in Wölpinghausen mit

Studium:

Okt. 1991-Sept. 1997	Diplom-Studium der Biologie an der Georg-August-Universität Göttingen
April 1996-Sept. 1997	Diplomarbeit am Institut für Geobotanik unter Prof. Dr. M. Runge: „Untersuchungen zur Phosphorversorgung von Kalkmagerrasen auf unterschiedlichen geologischen Substraten“

Promotion:

Nov. 1997 – Mai 2002	Dissertation in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. H. C. Becker am Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Universität Göttingen: „Neue Genpools aus resynthetisiertem Raps für die Hybridzüchtung“. Gesamtnote "sehr gut"

Berufstätigkeit:

Seit Nov. 1997	Wissenschaftlicher Angestellter am Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung:
Nov. 1997 – März 2001	GFP-Projekt ÖE 105/97 (Neue Genpools aus resynthetisiertem Raps für die Hybridzüchtung)
April 2001 - heute	GFP-Projekt ÖE119/01 (Einfluss des Pollen-Genotyps auf die wertbestimmenden Inhaltsstoffe des Rapssamens)