

dingungen für die Ölbildung, so daß man versucht ist, zu glauben, daß die Typen mit längerer Vegetationsdauer auch mehr Öl ablagern müßten. Der Korrelationskoeffizient *Reifezeit: Ölgehalt* zeigt, daß dies nicht der Fall ist:

$$r = + 0,00103 \pm 0,053 \quad (n = 284).$$

Es erscheint demnach sehr wohl möglich, frühere Sorten von *L. albus* mit hohem Ölgehalt zu züchten.

Sehr wichtig ist ferner die Beziehung zwischen *Ölgehalt und Eiweißgehalt*. Die Zusammenstellung von 85 Untersuchungen bei *L. albus* ergab folgenden Korrelationskoeffizienten:

$$r = + 0,0538 \pm 0,108.$$

Es ist also auch in dieser Hinsicht festzustellen, daß sich hoher Ölgehalt und hoher Eiweißgehalt in derselben Pflanze sehr wohl vereinigen lassen müssen, der Züchtung demnach auch von dieser Seite her keine Schwierigkeiten entgegenstehen.

Für die *Züchtung* lassen sich aus den besprochenen Beobachtungen folgende Schlüsse ableiten: Der Ölgehalt von *L. albus*, der als erbliche Eigenschaft anzusehen ist, ist von den Umweltfaktoren in hohem Maße modifizierbar. Auf besseren Böden mit höherem Feinerdegehalt wird offenbar mehr Öl erzeugt als auf leichten Sandböden. Ausreichende Niederschläge im Juni und genügend Sonnenschein im Juli-August wirken sich ebenfalls begünstigend auf die Öl-ablagerung aus. Auf leichten Böden ist eine möglichst frühe Aussaat anzustreben, auf besseren Böden und in verschiedenen Jahren ergeben sich hierbei jedoch auch Unterschiede. Schließlich ist auch zu berücksichtigen, daß sich die einzelnen Stämme und Herkünfte gegenüber den angeführten Außenbedingungen verschieden verhalten können. Aus all diesem geht für die

praktische Züchtung die unbedingt notwendige Forderung hervor, alle Prüfungsversuche mit genügend Vergleichsparzellen derselben Sorte zu durchsetzen und auch im Laufe der Jahre die Vergleichssorte möglichst nicht zu wechseln. Nur auf dieser Grundlage können sichere Ergebnisse erzielt werden. Die Auslesemethodik muß auf den unterschiedlichen hohen Ölgehalt der Körner von Trieben verschiedener Ordnung abgestellt werden. Das Fehlen von Korrelationen zwischen dem Ölgehalt einerseits und der Korngröße, der Reifezeit und dem Eiweißgehalt andererseits eröffnet günstige Aussichten für die Kombinationszüchtung.

#### Zusammenfassung.

Der Ölgehalt von *L. albus* ist eine erbliche Eigenschaft, die von Außenbedingungen verhältnismäßig stark beeinflusst wird.

Erhöhend auf den Ölgehalt wirken folgende Außenumstände: Guter Boden, frühe Aussaat, viel Niederschläge im Juni, reichlich Sonnenschein im Juli-August.

Der Ölgehalt der Samen einer Pflanze schwankt je nach Insertionsstelle der Hülse im artspezifischen Maße.

Zwischen Ölgehalt auf der einen Seite und Korngröße, Reifezeit und Eiweißgehalt auf der anderen bestehen keine Korrelationen.

Die aus diesen Beobachtungen zu folgernden Maßnahmen für die Züchtung werden besprochen.

#### Literatur.

HEUSER, H., K. BOEKHOLT und G. ULICH. Der Gehalt der Samen von *L. albus* an Eiweiß, Fett und Alkaloiden im Vergleich zu anderen Lupinenarten und unter dem Einfluß äußerer Bedingungen. Pflanzenbau 1934, 129—38.

(Aus der Saatzuchtanstalt Weibullsholm, Landskrona, Schweden.)

## Über Hülseneigenschaften bei *Pisum*, ihre Vererbung und ihr züchterischer Wert.

Von **Herbert Lamprecht**.

Die Hülseneigenschaften von *Pisum sativum* (einschließlich *arvense*) können zweckmäßig in drei Gruppen zusammengefaßt werden: 1. *Farbe*, 2. *Form und Größe* und 3. *Sklerenchymelemente* (Membran und Fädigkeit). Als für die Ausbildung dieser Eigenschaften verantwortlich sind bisher innerhalb jeder der drei genannten Gruppen mehrere Erbeinheiten bekannt geworden. Wie gewöhnlich hat auch hier festgestellt werden können, daß gewisse der in

Frage kommenden Gene pleiotrop wirken, daß sich ihr Effekt also nicht nur in einer, sondern in mehreren Eigenschaften kundgibt. Ein pleiotroper Effekt dürfte wohl allen Genen zukommen, nur ist die Ermittlung eines solchen für uns häufig sehr schwer, wenn nicht ganz undurchführbar.

Die vorliegende Arbeit soll teils eine kurze Übersicht über die Hülseneigenschaften vom genetischen und züchterischen Gesichtspunkt

bringen, teils sollen neue diesbezügliche Resultate mitgeteilt werden, die sich namentlich auf die zweite und dritte Eigenschaftsgruppe beziehen.

### I. Hülsenfarben.

Die normale, grüne Farbe der Hülsen von *Pisum* kann von Hellgelbgrün bis Dunkelgrün variieren und innerhalb dieses Farbengebietes sind mehrere genetisch bedingte Abstufungen von Grün bekannt. Eine genauere Analyse derselben liegt jedoch bisher nicht vor. Für die Ausbildung der grünen Hülsenfarben ist Dominanz in den beiden Genen  $Gp$  und  $O$  sowie Recessivität im Gen  $P_1$  erforderlich. Für alle drei Gene gilt, daß die Heterozygoten den Dominant-homozygoten anscheinend vollkommen gleichen.

Das von WHITE (1917) mit dem Symbol  $Gp$  (abgeleitet von green pod) bezeichnete Gen bedingt in seiner doppelrecessiven Form die Ausbildung von hellwachsgelber Hülsenfarbe. Diese Farbe stimmt sehr gut mit derjenigen gewisser Wachsbohnen überein. Ihre Ausbildung ist von Recessivität im Gen  $P_1$  abhängig (siehe dieses weiter unten). Die Wirkung von  $gp$  trifft ferner auch die Kelchblätter und die Blütenstiele, deren Farbe noch blasser gelb bis gelblichweiß erscheint. Die deutsche Zuckerbensensorte Goldfähnchen hat die Konstitution  $gp$ .

Das gleichfalls von WHITE (1917) mit dem Symbol  $O$  bezeichnete Gen bedingt in seiner doppelrecessiven Form, daß die anfangs in der Entwicklung gelbgrünen Hülsen zunehmend gelber werden. Bei typischer Ausbildung der Farbe ist diese hellgrünlichgelb, am nächsten dem hellen Chlorina gewisser Chlorophyllmutanten der Gerste entsprechend. Besonders charakteristisch für diesen Typus ist je ein grüner Streifen zu beiden Seiten von sowohl Bauch- wie Rückennaht der Hülse. Die Beurteilung von  $oo$ -Individuen muß im typischen Stadium stattfinden, da sonst eine Verwechslung mit reifenden gelbgrünen Hülsen möglich ist. NEFF und WHITE haben später (1927) mitgeteilt, daß sie drei multiple Allele des Gens  $O$  haben feststellen können, nämlich  $O - o_y - o_r$ . Die beiden Allelen  $o_y$  und  $o_r$  sollen sich in verschieden gelben Farbtönen manifestieren,  $o_y$  wird von ihnen als Gold,  $o_r$  als Lemon charakterisiert; auch die Hybride zwischen diesen,  $o_y o_r$ , soll sich unterscheiden lassen und wird als Lemon-Gold bezeichnet. Selbst habe ich nicht Gelegenheit bekommen, diese Allelen zu überprüfen, weshalb ich hier nur die Bezeichnung  $o$  benutze. Die Konstitution  $oo$  hat außer auf die

Hülsenfarbe auch einen starken Einfluß auf die grüne Kotyledonenfarbe, indem diese in ein blasses Hellgelb umgewandelt wird (vgl. E. NILSSON 1929). Die  $oo$ -Hülsenfarbe ist von Recessivität im Gen  $P_1$  abhängig. Die Markerbsensorte Goldkönig hat die Formel  $oo$ .

Das Gen  $P_1$  bedingt in seiner dominanten Form purpurviolette Färbung der Hülse. Auf Grund einer von v. TSCHERMAK (1912) gefundenen Spaltung im Verhältnis 49 Violett : 35 Grün, die als bifaktoriell angenommen wurde, hat WHITE (1917) die hierfür verantwortlichen Gene mit  $P_1$  und  $P_2$  bezeichnet. Dies geschah ohne Kenntnis der großen Mutabilität von  $P_1$  zu  $p_1$ . LOCK (1907) hat in einer Kreuzung Individuen mit ganz purpurfarbigen, mit mehr oder weniger teilweise purpurfarbigen und solche mit rein grünen Hülsen angetroffen. Die gleiche Erscheinung hat FRUWIRTH (1915) auch unter den Nachkommen von Linienmaterial feststellen können. Aus diesem Material konnte er auch konstant purpurhülsige Individuen aufziehen, während viele nach Grün hin mutierten. Es besteht also offenbar eine erhebliche Mutabilität in dem oder den Genen, die für die Ausbildung der Hülsenfarbe Purpurviolett verantwortlich sind. Selbst habe ich diese Erscheinung seit 1927 sowohl in einem umfangreichen Linien- wie auch Kreuzungsmaterial studiert und werden die Resultate dieser Studien jetzt a. a. O. eingehender veröffentlicht. Zusammenfassend kann gesagt werden, daß bisher nur ein Gen für die genannte Hülsenfarbe sicher konstatiert ist, und daß dieses in (wenigstens) vier sicher festgestellten Allelen auftritt.

Für diese Allelenserie wurden von mir die Symbole  $Pur-pur_a-pur_b-pur$  gewählt, und zwar aus folgendem Grunde. Die WHITESche Wahl von  $P_1$  (und  $P_2$ ) für das in Frage stehende Gen muß als unglücklich bezeichnet werden, da WHITE (1917) gleichzeitig das eine Gen für die Ausbildung von Hülsenmembran mit  $P$  bezeichnet. Allele ein und derselben Serie sind zweckmäßig durch Indices voneinander zu unterscheiden, verschiedene Gene sind dagegen unbedingt durch verschiedene Symbole zu kennzeichnen. WINGE (1936) hat das Symbol  $P_2$  benutzt, ohne jedoch nachgewiesen zu haben, daß es sich wirklich um ein von  $P_1$  verschiedenes Gen handelt.

Die vier Allelen von  $Pur$  können in ihrer Wirkung folgendermaßen charakterisiert werden:

$Pur$  bedingt Individuen mit ausschließlich ganzfarbigen, stark purpurvioletten Hülsen;  $pur_a$  solche, bei denen der größere Teil der

Hülsen purpurviolett, der kleinere grün gefärbt ist; *pur<sub>b</sub>* Pflanzen mit zum kleineren Teil purpurviolett oder mit teils grünen und teils wenig purpurviolett gefärbten Hülsen sowie *pur* rein grünhülsige Individuen. Inbezug auf eine eingehende genetische Analyse dieser vier Gruppen muß ich auf meine in Hereditas erscheinende Arbeit verweisen.

Das Gen *Pur* zeigt in gewissem Material eine außerordentlich hohe Mutationsfrequenz über die Allelen *pur<sub>a</sub>* und *pur<sub>b</sub>* nach *pur*. Die Mutationen treten nicht somatisch an Zweigen oder Hülsen auf, sondern von Generation zu Generation. In einer von mir besonders diesbezüglich studierten Linie betrug die Mutationsrate von *Pur*-Pflanzen etwa 20%, die von *pur<sub>a</sub>*- und *pur<sub>b</sub>*-Individuen je etwa 40%; alles in der Richtung nach *pur*, wobei die Mutation nicht stets beim nächsten Allel der Serie stehen blieb, sondern zu gewissem (geringerem) Teil weiterging. Eine weitere Aufteilung von *pur<sub>a</sub>*- und *pur<sub>b</sub>*-Individuen mit Hinblick auf die Größe der Ausbreitung der Farbe auf den Hülsen hatte keinerlei Veränderung in bezug auf Mutationsprozent und damit Zusammensetzung der Nachkommen zur Folge. In verschiedenen Kreuzungen, in denen diese Mutabilität studiert wurde, erschien sie in verschiedener Weise durch die übrige genotypische Konstitution beeinflusst, und zwar sowohl in bezug auf Mutationsrate wie auch hinsichtlich des Prozentes, in dem die einzelnen Allelen auftraten. In einer Kreuzung ging so ein beträchtlicher Teil der Mutation direkt von *Pur* zu *pur*. Aus einer anderen Kreuzung wiederum konnten in höheren Generationen Familien erhalten werden, in denen die Mutationsrate selbst sehr gering geworden ist.

Bei Recessivität in einem der beiden Gene *Gp* und *O* ist die durch *Pur* bedingte Hülsenfarbe nicht dunkelpurpurviolett sondern lilarot, bei *gp* klarer als bei *o*.

## 2. Form und Größe der Hülsen.

Sowohl die Form der grünen wie auch die der reifen Hülse von *Pisum* verdankt ihre Gestaltung mehreren Genen, die teils die Form direkt bedingen, teils dieselbe durch verschiedene Ausbildung der Sklerenchymelemente indirekt beeinflussen. Für die Größe der Hülse gilt in noch höherem Grade, daß sie durch mehrere Gene beeinflusst wird, die je selbst direkt eine andere Eigenschaft der Erbsenpflanze bedingen. Das Endergebnis ist hier — wie immer — vom Zusammenwirken aller Erbinheiten abhängig, alles vorausgesetzt gleiche Umweltverhältnisse.

Gene, die für die Gestaltung der Hülse direkt

verantwortlich sind, waren bis vor kurzem drei bekannt, nämlich *Bt*, *Cp* und *N*. Das Genpaar *Bt-bt* wurde von WHITE (1917) aufgestellt. *Bt* bedingt stumpfes Hülsenende (vgl. Abb. 1 erste und zweite Hülse von links), *bt* spitzes (dritte und vierte Hülse von links). RASMUSSEN (1927, S. 59) hat das Gen *Bt* in zwei gleichsinnig wirkende, *Bta* und *Btb*, aufgeteilt, deren Existenz aber noch als unsicher aufzufassen ist (vgl. LAMPRECHT 1936, S. 337). Das stumpfe Hülsenende ist vollkommen dominant, und es verursacht niemals Schwierigkeiten, Kneifelerbsen (mit starker Membran) hierauf in Kreuzungen zu beurteilen. Bei Zuckererbsen gibt es dagegen Formen, bei denen das Hülsenende nicht durch Krümmung der Rückennaht allein gegen die Bauchnaht, sondern durch etwa gleich starke Krümmung beider gegeneinander zustande kommt. Diese, von mir als zweiseitig

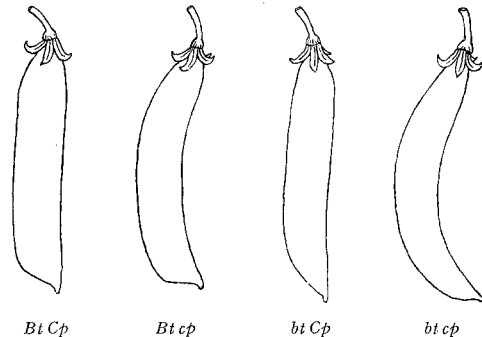


Abb. 1. *NN*-Hülsen (mit normaler Wanddicke) mit den verschiedenen Kombinationen der Genpaare *Bt-bt* (stumpf-spitz) und *Cp-cp* (gerade-gekrümmt).

zugespitzt bezeichneten Formen sind kaum sicher auf das Eigenschaftspaar stumpf-spitz zu beurteilen (vgl. Abb. 2).

Das zweite vorhin erwähnte Gen, *Cp*, bedingt in seiner dominanten Form die Ausbildung der geraden Hülse, in seiner recessiven, die der gekrümmten. WELLENSIEK (1925) hat zuerst diese Eigenschaft genetisch analysiert. Laut WELLENSIEK soll *Cp* nicht vollkommen dominant sein. Dies ist richtig, aber die Erscheinung ist in hohem Grade von der übrigen genotypischen Konstitution abhängig. So gibt es auch *Cp*-Linien, die nicht gerade sondern schwach gekrümmte Hülsen haben. Dieselbe Erscheinung kann man auch in  $F_1$ -Generationen beobachten, d. h. *Cp-cp*-Individuen mit geraden und auch mit schwach gekrümmten Hülsen. Ferner ist die Stärke der Krümmung von *cp*-Hülsen (= die größte Abweichung von der geraden Verbindung zwischen Spitze und Ansatzstelle) in hohem Grade vom Verhältnis Länge/Breite der Hülse abhängig. Eine sehr kurze

und außerdem sehr breite Hülse bekommt niemals die Krümmungsstärke einer langen und schmalen Hülse. Auch hierdurch können in Kreuzungen Beurteilungsschwierigkeiten entstehen. Erwähnt zu werden verdient auch, daß *CpCp bbt*-Hülsen, also gerade und spitze, gewöhnlich eine schwach S-förmige Krümmung aufzuweisen scheinen.

Das Gen *N* beeinflußt sowohl Form, Beschaffenheit wie Größe der Hülse. *N* scheint über *n* vollkommen dominant zu sein. In seiner doppelrecessiven Form bedingt *N* die Ausbildung einer besonders dicken Hülsenwand. Auch die Wanddicke von *N*-Hülsen schwankt, aber bei *nn*-Hülsen variiert die Dicke von etwa dem Zweifachen bis zu etwas mehr als das Dreifache derjenigen von *N*-Hülsen. *nn*-Hülsen sind stets voll und schön gerundet, gleichgültig, ob es sich um Kneifel- oder Zuckerbönsen han-

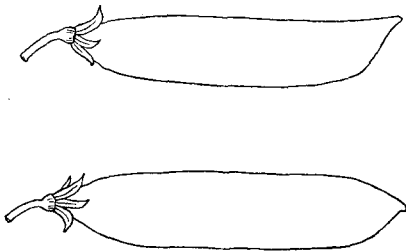


Abb. 2. Einseitig und zweiseitig zugespitzte Zuckerbönsenhülse; obere deutlich stumpf, *bbt*, untere unsicher ob stumpf oder spitz.

delt. Die dicke *nn*-Wand ersetzt demnach bei letzteren das für die Rundung der Hülsen sonst notwendige Sklerenchymgewebe der Kneiflerbönsen. *nn*-Hülsen sind ferner stets gekrümmt, ganz gleichgültig, ob sie in *Cp* dominant oder recessiv sind. Die Stärke der Krümmung ist in hohem Grade von der Länge der Hülsen abhängig; kurze, 4—5 cm lange sind nur schwach gekrümmt, 10—12 cm lange Hülsen können noch stärker gekrümmt sein als entsprechende *NN cpcp*-Hülsen. Charakteristisch ist ferner für *nn*-Hülsen die vom Stiel an viel allmählicher zunehmende Breite als bei *N*-Hülsen, die gleich ihre größte Breite erreichen (vgl. Abb. 3 linke Hülse, die etwa 8,5 cm lang ist). Ein weiterer Einfluß von *nn* ist der auf das Hülsenende, das stets mehr oder weniger spitz ist, gleichgültig, ob die Hülsen *Bt* oder *bt* sind. Nur selten kann hier ein Unterschied gefunden werden, der aber auch dann unsicher ist. Die Hülse links in Abb. 3 ist *Cp Bt nn*.

Schließlich hat *nn* einen ausgeprägten Einfluß auf die Größe der Hülsen, indem *nn*-Hülsen, bei im übrigen gleicher genotypischer

Konstitution, stets kürzer sind als *N*-Hülsen, eine Erscheinung, die ich in mehreren Kreuzungen habe feststellen können (nicht zu verwechseln mit Koppelung). E. NILSSON (1929) hat eine schöne Untersuchung über den Effekt des Genpaares *N-n* veröffentlicht. In bezug auf die Größe der Hülsen sei hier auch erwähnt,

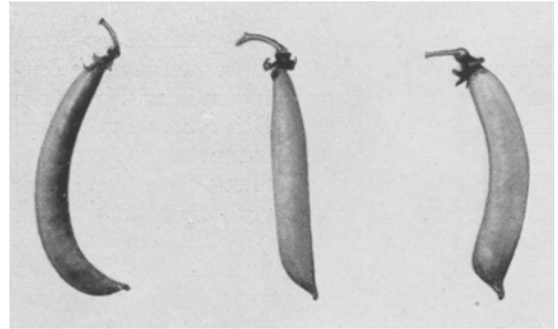


Abb. 3. Drei Hülsen, Kombinationen der Genpare *N-n* und *Con-con* darstellend. Linke Hülse: *nn ConCon*, mittlere: *nn concon*, rechte: *NN concon*.

daß dieselbe durch das Gen *Le* stark beeinflußt wird, indem *le le*-Hülsen bei gleicher sonstiger Konstitution stets kleiner sind als *Le*-Hülsen.

Vor kurzem habe ich (LAMPRECHT 1936) ein viertes Gen analytisch festgelegt, das die Hülsen-

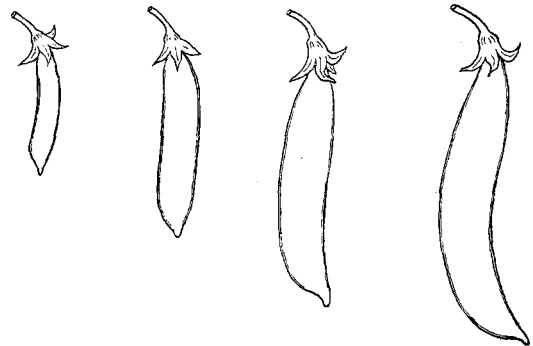


Abb. 4. Die Entwicklung einer konkaven Hülse von *Pisum sativum*, veranschaulicht durch vier verschiedene Stadien. Links juvenile Hülse mit noch konvexer Form, dann gerade, schwach gekrümmte und ausgeprägt konkave Hülse.

form direkt beeinflußt. Es wurde von mir mit dem Symbol *Con* belegt, da *concon*-Hülsen eine konvex gekrümmte Bauchnaht (die die Samen tragende) zeigen. Die Hülse rechts in Abb. 3 hat diese Konstitution. *Con* ist über *con* vollkommen dominant. Die Samen sitzen also bei diesem Typus an der Innenseite der Kurve. Unter allen im Handel befindlichen Erbsensorten scheint es nur eine mit diesem Hülsentypus zu geben, nämlich VILMORIN'S *Pois Sabre*.

In meiner oben zitierten Arbeit (LAMPRECHT 1936) habe ich über die Entwicklung der geraden bzw. verschieden gekrümmten Hülsen berichtet. Danach zeigt die junge Hülse zu Beginn ihrer Entwicklung stets eine konvexe Form, gleichgültig, ob ihre Konstitution *Con* oder *concon* ist. Entwickelt sich eine *Con*-Hülse zu einer konkav gekrümmten, *cpcp*, so wird sie bald gerade und dann zunehmend gekrümmt, bis sie bei erreichter voller Länge die typische *cpcp*-Form bekommen hat. *Cp*-Hülsen werden in ihrer Entwicklung etwas langsamer gerade und behalten dann diese Form bei. Bei *concon*-Individuen schließlich wird die schon ursprünglich konvexe Hülsenform bis zur Erreichung der vollen Länge beibehalten. Abb. 4 stellt die Entwicklung einer konkaven Hülse in vier Stadien dar. Die beiden Genpaare *Cp-cp* und *Con-con* bewirken also eine lokale Verzögerung der Wirkung der Wuchsstoffe für das Hülsenwachstum. Bei *concon*, der konvexen Hülse, setzt das Wachstum in der Längsrichtung sowohl an Bauch- wie Rückennaht bis zur Erreichung der vollen Länge gleichmäßig fort. Bei *Con Cp*, der geraden Hülse, tritt auf der Seite der Bauchnaht früher eine Verlangsamung des Wachstums ein als an der Rückennaht. Und bei *Con cp*, der konkaven Hülse, ist diese Verlangsamung noch viel ausgeprägter als bei *Con Cp*.

Früher veröffentlichte Kreuzungsergebnisse (LAMPRECHT 1936 u. a.) haben gezeigt, daß die gerade Hülse sowohl über die konvex wie über die konkav gekrümmte dominiert. Dominant erscheint demnach die intermediäre Retardation der Zuwachsgeschwindigkeit der Bauchnaht (die zur geraden Hülsenform führt) gegenüber sowohl keiner Retardation (in konvexer Hülsenform resultierend) wie gegenüber starker Retardation derselben (zu konkaver Hülsenform führend) im Vergleich mit der Zuwachsgeschwindigkeit der Rückennaht.

Es war nun sowohl vom theoretischen wie vom praktischen Gesichtspunkt von besonderem Interesse zu erfahren, welchen Hülsentypus die Kombination *nn concon* aufweist. Zu diesem Zwecke wurde u. a. 1934 eine Kreuzung zwischen Linie 125 aus Pois Sabre, *BtBt CpCp NN concon PP VV*, und Linie 110 aus Kungsärt (= Königs-erbse, herkommend aus Roi des Gourmands), *BtBt CpCp nn ConCon PP vv*, ausgeführt. Die Pflanzen der ersten Generation hatten gerade, stumpfe Hülsen mit starker Membran. In der zweiten Generation kam es also zu einer Aufspaltung in den beiden vorhin besprochenen Genen *N* und *Con* sowie im Membran-Gen *V*,

auf das später zurückgekommen werden soll. Es zeigte sich nun, daß in dieser Kreuzung (Kr. Nr. 72) ein ganz neuer, mir bisher unbekannter Hülsentypus auftrat, nämlich ganz oder praktisch genommen gerade *nn*-Hülsen. Eine solche Hülse ist die mittlere in Abb. 3 abgebildete. Aus dieser Abbildung geht auch hervor, daß sie sowohl durch das spitze Hülsenende wie durch die vom Hülsenstiel an allmählich zunehmende Breite des *nn*-Typus charakterisiert wird. Die Hülsenwand hat die Dicke der *nn*-Mutterlinie. Die durch *nn* bedingte konkave Krümmung und die durch *concon* verursachte konvexe haben sich hier gegenseitig aufgehoben, die Hülse wurde gerade, die Zuwachsgeschwindigkeit an Bauch- und Rückennaht dieselbe. Erwähnt sei, daß Zuckererbsen (hier *vv*) auf *con* im grünen Zustand beurteilt werden müssen, da dies an der im reifen Zustand geschrumpften Hülse nicht immer sicher möglich ist.

Für die oben erwähnten drei Genpaare wurden bei einer Gesamtindividuenanzahl von 824 folgende Spaltungsverhältnisse erhalten:

Gefunden:	630 <i>N</i> : 194 <i>n</i> .
Erwartet:	618,0 <i>N</i> : 206,0 <i>n</i> .
D/m für 3 : 1 =	0,97.
Gefunden:	585 <i>Con</i> : 239 <i>con</i> .
Erwartet:	618,0 <i>Con</i> : 206,0 <i>con</i> .
D/m für 3 : 1 =	2,65.
Gefunden:	627 <i>V</i> : 197 <i>v</i> .
Erwartet:	618,0 <i>V</i> : 206,0 <i>v</i> .
D/m für 3 : 1 =	0,72.

In allen drei Genpaaren liegt zweifellos monohybride Spaltung vor. In den beiden folgenden Jahren, 1936 und 1937, wurde eine dritte und vierte Generation — hauptsächlich aus züchterischen Gründen — gebaut und analysiert. Wie zu erwarten war, gaben Individuen mit geraden *nn*-Hülsen nur stets wieder solche Nachkommen, sie blieben konstant: *concon nn*. Individuen mit gekrümmten *nn*-Hülsen blieben teils konstant, teils spalteten sie monohybrid im Verhältnis 3 gekrümmte dickwandige (*Con nn*) zu 1 gerade dickwandige (*concon nn*); gefunden 211 *Con nn* : 67 *concon nn* (D/m = 0,35). Individuen mit konvex gekrümmten *N*-Hülsen blieben teils konstant, teils spalteten sie monohybrid im Verhältnis 3 konvex dünnwandig (*concon N*) : 1 konvex dickwandig (*concon nn*); gefunden 145 *concon N* : 55 *concon nn* (D/m = 0,82). Damit erscheint die Richtigkeit der angenommenen genischen Unterlage einwandfrei erwiesen.

Für die bifaktoriellen Spaltungen wurden folgende Verhältnisse erhalten:

Gefunden:	444 <i>N Con</i>	:	186 <i>N con</i>	:	141 <i>n Con</i>	:	53 <i>n con</i> .
Erwartet:	463,50 <i>N Con</i>	:	154,50 <i>N con</i>	:	154,50 <i>n Con</i>	:	51,50 <i>n con</i> .
D/m für 9:3:3:1 =	-1,37		+2,81		-1,20		+0,22.
Gefunden:	488 <i>N V</i>	:	142 <i>N v</i>	:	139 <i>n V</i>	:	55 <i>n v</i> .
D/m für 9:3:3:1 =	+1,72		-1,12		-1,38		+0,50.
Gefunden:	416 <i>Con V</i>	:	169 <i>Con v</i>	:	211 <i>con V</i>	:	28 <i>con v</i> .
D/m für 9:3:3:1 =	-3,34		+1,30		+5,04		-3,38.

Diese Spaltungsverhältnisse zeigen an, daß die Gene *N* und *Con* sowie *N* und *V* wahrscheinlich unabhängig voneinander vererbt werden, also in verschiedenen Chromosomen liegen werden. Das berechnete Crossoverprozent beträgt für diese 45,4 bzw. 43,6. Die beiden Gene *Con* und *V* scheinen dagegen sicher gekoppelt zu sein; aus dem für diese gefundenen Spaltungsverhältnis ergibt sich ein *Crossover* von 27,55%. Für das Gen *V* ist seit langem bekannt, daß es ziemlich stark mit *Le* (das Gen für hohen Wuchs) gekoppelt ist. Ich erwähne daher hier noch kurz das Ergebnis einer 1937 in  $F_2$  untersuchten Kreuzung (Nr. 245). Diese wurde ausgeführt zwischen Linie 96 (einer Geschwisterlinie zu 125) und Linie 199 (aus Badenia). In dieser Kreuzung spalteten außer *Con-con* u. a. noch die Genpaare *V-v* und *Le-le* (*Con v le*  $\times$  *con V Le*). Ich teile hier ebenfalls die betreffenden bifaktoriellen Spaltungsverhältnisse mit:

Gefunden:	164 <i>Con V</i>	:	71 <i>Con v</i>	:	76 <i>con V</i>	:	10 <i>con v</i> .
Erwartet:	180,56 <i>Con V</i>	:	60,19 <i>Con v</i>	:	60,19 <i>con V</i>	:	20,06 <i>con V</i> .
D/m für 9:3:3:1 =	-1,87		+1,55		+2,26		-2,31.
Gefunden:	166 <i>Con Le</i>	:	69 <i>Con le</i>	:	75 <i>con Le</i>	:	11 <i>con le</i> .
D/m für 9:3:3:1 =	-1,64		+1,26		+2,12		-2,08.
Gefunden:	229 <i>Le V</i>	:	12 <i>Le v</i>	:	11 <i>le V</i>	:	69 <i>le v</i> .
D/m für 9:3:3:1 =	+5,44		-6,90		-7,04		+11,38.

Wie ersichtlich, sind die drei hier spaltenden Genpaare offenbar gekoppelt. Eine Berechnung des Crossingover ergibt für *Con-V* 29,2%, für *Con-Le* 31,92% und für *Le-V* 7,43%. Die für *Con-V* hier erhaltene Zahl 29,2% stimmt also sehr gut mit der in voriger Kreuzung gefundenen, 27,55%, überein. Für die Koppelungsgruppe *Le-V-Con* ergibt sich demnach folgendes Bild: *Le*—ca. 7,5—*V*—ca. 28—*Con*. Für den Abstand *Le-Con* ergibt sich, anstatt der addierten Abstände (35,5), ca. 32, welche Verminderung bekanntlich auf doppeltes Crossover zurückgeführt zu werden pflegt.

### 3. Sklerenchymelemente.

Für die Ausbildung von Sklerenchymelementen der Erbsenhülse werden in der Literatur bisher zwei Genpaare, *P-p* und *V-v*, verantwortlich gemacht. VILMORIN (1910) erhielt zuerst in einer Kreuzung von zwei Zuckererbsen

Kneifelerbsen. WHITE (1917) bezeichnete die beiden Gene als *P* und *V* und WELLENSIEK (1925) führte zuerst eine Kreuzung *PV*  $\times$  *pv* durch. Er machte das Gen *P* für die Ausbildung einer dünnen Membran in Zuckererbsen verantwortlich. RASMUSSEN (1927) charakterisierte dann näher *V*, welches Gen einen Membranstreifen längs der Bauch- und Rückennaht verursachen soll, und der Rückenstreifen soll viel stärker entwickelt sein (l. c. S. 49). Hier liegt offenbar eine Verwechslung zwischen Bauch- und Rückennaht vor; ein ziemlich starker Membranstreifen verläuft längs der Bauchnaht, an der Rückennaht ist fast nichts von einer Membran zu sehen. Bei den *Leguminosae* sitzen die Samen durchweg an der Bauchnaht, und längs dieser läuft der Membranstreifen, was auch RASMUSSENs Abb. 9a zeigt. RASMUSSEN hebt dann die große Variabilität in der Ausbildung der Membran in *PP vv*-Hülsen und das gänzliche Fehlen einer solchen in *pp vv*-Hülsen

hervor. Auch die *pp VV*-Typen zeigen eine gewisse Variation.

Gestützt auf eigene eingehende Untersuchungen folgt unten eine Charakteristik der vier Typen (im reifen Zustand):

*PP VV* = Kneifelerbsen mit starker Membran. Unter Umständen kann diese in einer Hülse (gipfelständige) so schwach ausgebildet werden, daß die Hülse als *PP vv* zu klassifizieren wäre.

*PP vv* = Zuckererbsen. Normal mit dünnen über die ganze Innenseite der Hülse auftretenden Membranflecken. Varianten: Membran zusammenhängend die ganze Innenseite bedeckend, Membran nur an beiden Hülsenenden, nur an der Hülsenstielseite, ganz ohne Membran; im letzteren Fall ist die Hülse härter und steifer als *pp vv*-Hülsen.

*pp VV* = Zuckererbsen mit einem 2—3 mm breiten Membranstreifen jederseits der Bauchnaht. Varianten: Außer diesem Streifen ein Membranfleck vom Stielende nach innen gehend, der bis zu  $\frac{2}{3}$  der Hülse bedecken kann; ohne Membranfleck und der Streifen ist nur als Verdickung — Verbreiterung der verholzten Naht erkennbar.

*pp vv* = Zuckererbsen mit sehr dünner und spröder Wand, ganz ohne Sklerenchymelemente auf der Innenseite.

Das Gen *V* zeigt, soweit bisher bekannt, stets Neigung zu Mutation in der Richtung  $v \rightarrow V$ . Dies bedingt demnach das spontane Auftreten von Kneifelerbsen in *PP vv*-Zuckererbsen. In wenig mutierenden Linien beträgt diese Mutation laut eigenen Untersuchungen etwa 1,5 bis 2 pro Mille.

Im grünen Zustand lassen sich *PP vv*- von *pp VV*-Zuckererbsen äußerlich nicht unterscheiden. *pp vv* zeigen jedoch früher und stärker als diese (bei *N*) Deformierung ihrer Form, sie rollen sich.

Eine andere Eigenschaft, die durch Sklerenchymelemente bedingt wird, ist die Fädigkeit. Fast alle Sorten, ob Kneifel- oder Zuckererbsen, scheinen kräftige Fäden längs der Bauch- und Rückennaht zu besitzen. Ich kenne nur eine Linie aus der Zuckererbse Orion, die ganz oder praktisch genommen ohne solche ist. Die An- oder Abwesenheit von Fäden ist am leichtesten im gekochten Zustand, im Zusammenhang mit der Ausführung von Geschmacksproben, festzustellen. Bei Kreuzung dieser Linie, Nr. 257, mit fädigen hat sich die Fädigkeit als dominant erwiesen. Für das hier spaltende Genpaar schlage ich die Bezeichnung *Sin-sin* vor, abgeleitet von der recessiven Form, fadenlos = *sine fili*.

Eine weitere Eigenschaft verdient hier erwähnt zu werden, das Platzen der reifen Hülsen. Reife Zuckererbsenhülsen, die um die Samen zusammenschumpfen, platzen nicht, Kneifelerbsen dagegen sehr leicht, wenn sie *N* in ihrer Konstitution haben. *nn*-Kneifelerbsen platzen praktisch genommen nicht. *nn* dürfte daher einen besonderen Einfluß auf die Beschaffenheit der Nähte (dortiger Sklerenchymelemente?) haben, die dann nur schwer voneinander losgelöst werden können.

#### 4. Über den züchterischen Wert von Hülseneigenschaften.

Bei einer Beurteilung des züchterischen Wertes sind die vorhin besprochenen Hülseneigenschaften teils als solche, teils im Zusammenhang mit dem Samentypus, runzelig-rund, zu berücksichtigen.

In bezug auf den praktischen Wert der verschiedenen Hülsenfarben läßt sich nicht viel sagen. Bei den Kneifelerbsen, wo nur die Samen zur Verwendung gelangen, dürften sie keine Rolle spielen, obwohl ein Einfluß auf Qualität nicht ausgeschlossen erscheint. Bei den Zuckererbsen, wo die Hülsen verzehrt werden,

scheinen die gelben Hülsenfarben, *oo* bzw. *gpgp*, bisher keine Verbesserung oder besondere Geschmacksneuheit darzustellen. Vielleicht wird dies bei jetzt in Aufzucht befindlichen dickwandigen, membranfreien und mit süßen Markerbbsen gefüllten Typen (*nn pp vv rr*) der Fall sein. Purpurviolette Zuckererbsen scheinen bisher nicht geprüft worden zu sein.

Von den durch die Gene *Bt* und *Cp* bedingten Hülsenformen läßt sich sagen, daß stumpfes oder spitzes Hülsenende (*Bt* bzw. *bt*) praktisch etwa gleichen Wert haben dürften. Dagegen sind gerade Hülsen (*Cp*) gekrümmten (*cp*) zweifellos vorzuziehen. Dies gilt mit Hinsicht auf Transport und Verpackung, aber besonders — wenn es sich um Zuckererbsen handelt — beim Konservieren der ganzen Hülsen.

Für Zuckererbsen ist der Typus *PP vv* unbedingt zu verwerfen, da *v* stets in gewissem Prozent zu *V* mutiert und so das beständige Auftreten von Kneifelerbsen bedingt. Außerdem haben *PP*-Zuckererbsen häufig eine beim Verzehren zu stark merkbare Membran. *pp VV*-Typen scheinen konstant zu sein. *pp vv*-Hülsen haben wenigstens gleich gute Qualität wie *pp VV*-Hülsen, aber sie haben ein unansehnliches Aussehen, da sie sich stark rollen. Dies gilt alles für *NN*-Hülsen.

Besonders große züchterische Bedeutung kommt und wird den *nn*-Typen zukommen. Bei Erbsen, die gekneifelt werden sollen, sind sie wertlos, da die Hülsen weggeworfen oder an Tiere verfüttert werden. *nn*-Zuckererbsen sind, da ihre Hülsen gleich Brechbohnen abgebrochen werden können, Brecherbsen genannt worden. Da wir seit kurzem auch Markerbsen mit diesem Typus kennen, wäre diese Gruppe in Brechzucker- und Brechmarkerbsen unterzuteilen. Bei den sog. Zuckermarkerbsen *NN rr PP vv* ist es bisher nicht gelungen, die hohe Qualität der Markerbsen auf die Hülse zu überführen, bei den Brechmarkerbsen ist dies vollkommen gelungen. Brechmarkerbsen (also ohne Membran) sollen sich ebenso weit entwickeln wie Markerbsen, bis zur selben Größe der Samen; und dann kann die ganze Hülse mit den Samen verwendet werden, also ohne daß 50—70% des geernteten Produktes verlorengehen oder erst auf dem Umwege über Tiere uns zugute kommen. Die Qualität des Hülsenfleisches dieser Typen ist dem aller mir bekannten gewöhnlichen Zuckererbsen weit überlegen. Sie haben die Formel *nn PP vv rr ii aa*. Die in unserer Saatzuchtanstalt aufgezogene Brechmarkerbse *Apollo* ist übrigens noch *Cp Bt Le* und *Olympia Cp Bt le*. Mehrere Typen mit ver-

schiedener Frühzeitigkeit und Recessivität auch in *P* (*pp*) befinden sich in Vermehrung und haben gezeigt, daß *nn pp vv*-Hülsen gleichen Habitus zeigen wie solche mit Dominanz in *P*. Die in *P* recessiven sind, aus bereits dargelegten Gründen, natürlich vorzuziehen. Ein weiterer Schritt in der Züchtung wird es sein, diesen Hülsentypus durch Einführung von *concon* gerade und durch *sinsin* fadenlos zu machen.

#### Literatur.

FRUHWIRTH, C.: Versuche zur Wirkung der Auslese. *Z. Pflanzenzüchtg* 3, 173—224, Taf. I (1915).

LAMPRECHT, H.: Genstudien an *Pisum sativum*, I. *Hereditas* (Lund) 22, 336—360 (1936).

LOCK, R. H.: The present state of knowledge of heredity in *Pisum*. *Ann. Roy. Bot. Gard. Peradeniya* 4, 93—III (1907).

NEFF, D., and O. WHITE: Inheritance studies in *Pisum*. VI. Multiple allelomorphism and the in-

heritance of green and yellow foliage and pod color. *Amer. J. Bot.* 14, 379—394 (1927).

NILSSON, E.: Erblichkeitsversuche mit *Pisum*, I. *Hereditas* (Lund) 12, 17—32 (1929).

RASMUSSEN, J.: Genetically changed linkage values in *Pisum*. *Hereditas* (Lund) 10, 1—152 (1927).

TSCHERMAK, E. v.: Bastardierungsversuche an Levkojen, Erbsen und Bohnen mit Rücksicht auf die Faktorenlehre. *Z. Abstammungslehre* 7, 81—234 (1912).

VILMORIN, PH. DE: Recherches sur l'Hérédité mendélienne. *C. r. Acad. Sci. Paris* 1910/11, 548—551.

WELLENSIEK, S. J.: Genetic monograph on *Pisum*. *Bibl. Genet.* 2, 343—476 (1925).

WHITE, O.: Studies in inheritance in *Pisum*, II. The present state of knowledge of heredity and variation in peas. *Proc. Amer. Phil. Soc.* 56, 487—588 (1917).

WINGE, O.: Linkage in *Pisum*. *C. R. Laborat. Carlsberg. Série Phys.* 21, 271—393 (1936).

(Aus dem Kaiser Wilhelm-Institut für Züchtungsforschung, Müncheberg/Mark.)

## Wilde Kern- und Steinobstarten, ihre Heimat und ihre Bedeutung für die Entstehung der Kultursorten und die Züchtung.

Von **Aifons Fischer** und **Martin Schmidt**.

In der Frage nach der Entstehung der Kulturformen beim Kern- und Steinobst sind in den letzten Jahren einige wesentliche Erkenntnisse gewonnen worden. Auch für die wilden, mit unseren Kulturformen verwandten Obstarten sind von VAVILOV und seinen Mitarbeitern Mannigfaltigkeitszentren festgestellt worden. Für eine Reihe anderer Wildarten sind bisher noch keine derartigen Zentren aufgefunden worden, wohl aber sind ihre Heimat und Verbreitung bekannt.

Verschiedene mit unseren Kultursorten mehr oder weniger entfernt verwandte Obstwildarten haben für die Züchtung Bedeutung, insbesondere für die Herstellung neuartiger Fruchttypen (BAUR I) oder deshalb, weil man bei ihnen vielfach günstige Eigenschaften findet, die in den vorhandenen Sortimenten nicht angetroffen werden. Im Ausland, insbesondere in Nordamerika und in Rußland, hat man wilde Kern- und Steinobstarten in weitem Maße züchterisch verwendet.

Durch die Expeditionen der russischen Forscher konnten auf dem asiatischen Kontinent in vier größeren Gebieten Genzentren festgestellt werden, und zwar im Kaukasus, in Zentralasien, im Fernen Osten und in Sibirien. Es ist nicht sicher bekannt, ob auch die in Nordamerika vorkommenden *Malus*- und *Prunus*-Arten (vgl. S. 159, 160 und 161) dort Zentren

größter Formenmannigfaltigkeit besitzen. Man könnte annehmen, daß diese Arten oder deren Vorfahren von Völkerstämmen, die in Urzeiten von Asien über die Behringstraße nach dem nordamerikanischen Festland eingewandert sind, mitgebracht worden sind.

Die asiatischen Genzentren der Obstarten liegen in Gebirgsgegenden oder Gebieten mit unwirtlichem Klima. Von den Genzentren ausgehend, nimmt der Formenreichtum nach der Peripherie hin ab, und gleichzeitig nehmen die Formen mit recessiv vererbten Eigenschaften zu (VAVILOV 39).

Im Kaukasus findet man mächtige Wälder, die fast ausschließlich aus wilden Obstbäumen bestehen. In diesen Obstwäldern wurden wilde Äpfel, Birnen, Süßkirschen und Kirschpflaumen (*Prunus cerasifera*) in einer ungeheuren Formenmannigfaltigkeit angetroffen (PASHKEWITCH und SIGOV 30, POPOV 31, VAVILOV 39, 40, VORONOV 42, 43). Solche Obstwälder kommen im Mai-kop-Bezirk, in Petok, am Nord- und Südrand des Kaukasus, in Teilen Transkaukasiens und im Hochland von Armenien vor. Im Kaukasus findet man wilde Obstarten in Höhen von 900—1300 m.

In Zentralasien lassen sich vier getrennte Genzentren unterscheiden: der westliche Kopet-Dagh, der westliche Pamir-Alai, der westliche und der östliche Tian-Shan. Außer wilden