

Zusammenfassung

Kulturgerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*), die als Tiernahrung, zum Malzen und für den menschlichen Verzehr genutzt wird, ist nahe mit dem Weizen verwandt und das weltweit viertwichtigste Getreide. Die Domestizierung des wilden Vorfahren (*H. vulgare* ssp. *spontaneum*) began vor ungefähr 10.000 Jahren im Fruchtbaren Halbmond. Wie bei anderen Kulturpflanzen haben Domestizierung und Merkmalsselektion die genetische Variation von Kulturgerste im Vergleich zu wilden Gerste-Populationen verringert. Wir haben Gebrauch von einer Mapping-Population gemacht, die aus einer Kreuzung zwischen Kulturgerste und Wildgerste aus verschiedenen Teilen des Fruchtbaren Halbmonds und China entstanden ist, um QTL für Bestockung und Grannenlänge als zwei agronomisch relevante Merkmale zu kartieren. Es ist uns gelungen, zwei QTL für Bestockung auf Chromosom 2H (Kapitel II) und einen QTL für Grannenlänge auf Chromosom 7H (Kapitel IV) zu identifizieren und zu bestätigen.

Einer der QTL für Bestockung befand sich in der Nähe des Blühzeitpunkt-Locus *Eam6*. Zusätzlich zu den Unterschieden in Bestockung zeigten fast-isogene Linien (NILs), die an diesem Locus verschieden waren, beständige Unterschiede in Blühzeitpunkt und Pflanzenlänge. Der andere QTL befand sich an der Stelle des Zeiligkeits-Gens *Vrs1*. NILs, die sich in *Vrs1* oder einem anderen Zeiligkeits-Locus (*Int-c*) unterschieden, zeigten Unterschiede in der Bestockung. Um zu ergründen ob Zeiligkeits-Gene einen direkten Effekt auf die Bestockung haben, untersuchten wir die Bestockung im Laufe der Entwicklung der Pflanze für allelische Serien von neun unabhängigen Zeiligkeits-Loci (Kapitel III). Mit einer Ausnahme verringerten alle Mutanten von Zeiligkeits-Genen die Bestockung und alle Mutationen verringerten durchschnittliche Korngröße und -gewicht. Bei mehreren Mutanten-Loci (inklusive *vrs1*), schien der Effekt auf die Bestockung indirekt zu sein, während andere Loci (inklusive *int-c*) die Bestockung direkt beeinflussten.

Der QTL für Grannenlänge wurde durch NILs die sich an diesem Locus unterschieden bestätigt. Durch die Nutzung von zwei unabhängigen rekombinanten Inzuchtlinien (RILs) die für die genomische Region mit dem QTL segregierten, wurde der Locus auf ein Intervall von weniger als 0.5 cM eingegrenzt. Die Sequenzierung von mRNA aus sich entwickelndem Apex-Gewebe wurde als Methode zur Identifizierung eines Kandidatengens genutzt. Ein FYVE-type Zinkfingerprotein wurde aufgrund eines SNP in der NIL mit den längeren Grannen, der einen Aminosäureaustausch in einem wichtigen Motiv der FYVE-Domäne verursachte, als Kandidat identifiziert.

Verständnis der genetischen Grundlagen von Korrelationen zwischen agronomischen

Merkmale ist wichtig für die genetische Manipulation der einzelnen Ertragskomponenten. Diese Arbeit stellt eine neuartige Mapping-Population aus Wild- und Kulturgerste vor, die nützlich für QTL-Analysen ist. Sie betont die Relevanz von pleiotropen Effekten zwischen scheinbar nicht miteinander verbundenen Merkmalen wie Zeiligkeit und Bestockung und beschreibt eine Methode für Feinkartierung und die Identifizierung von Kandidatengen.