

AB-QTL-Analyse zur Introgression von Wildformallelen in Gerste

**Inaugural-Dissertation**

zur

Erlangung des Grades

Doktor der Agrarwissenschaften

(Dr. agr.)

der

Hohen Landwirtschaftlichen Fakultät

der

Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität

zu Bonn

vorgelegt am

11.07.2001

von

Dipl.-Ing. agr. Arndt Karl Zacharias

aus

Waldbröl

D98

Referent:	Prof. Dr. Jens Léon
Korreferent:	Prof. Dr. Marc-Jan-Jules Janssens
Tag der mündlichen Prüfung:	26.10.2001
Gedruckt bei:	Shaker-Verlag, Aachen

Schriftenreihe des Institutes für Pflanzenbau

Band 2/2002

**Arndt Karl Zacharias**

**AB-QTL-Analyse zur Introgression  
von Wildformallelen in Gerste**

D 98 (Diss. Universität Bonn)

Shaker Verlag  
Aachen 2002

Die Deutsche Bibliothek - CIP-Einheitsaufnahme

*Zacharias, Arndt Karl:*

AB-QTL-Analyse zur Introgression von Wildformallelen in Gerste/

Arndt Karl Zacharias. Aachen : Shaker, 2002

(Schriftenreihe des Institutes für Pflanzenbau ; Bd. 2002,2)

Zugl.: Bonn, Univ., Diss., 2001

ISBN 3-8322-0304-4

Copyright Shaker Verlag 2002

Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Printed in Germany.

ISBN 3-8322-0304-4

ISSN 1619-9456

Shaker Verlag GmbH • Postfach 1290 • 52013 Aachen

Telefon: 02407 / 95 96 - 0 • Telefax: 02407 / 95 96 - 9

Internet: [www.shaker.de](http://www.shaker.de) • eMail: [info@shaker.de](mailto:info@shaker.de)

## Inhaltsverzeichnis

<b>Tabellenverzeichnis.....</b>	<b>III</b>
<b>Abbildungsverzeichnis.....</b>	<b>IX</b>
<b>Abkürzungsverzeichnis.....</b>	<b>XI</b>
<b>1 EINLEITUNG.....</b>	<b>1</b>
<b>2 LITERATURÜBERSICHT.....</b>	<b>3</b>
2.1 Abstammung und Systematik der Gerste.....	3
2.2 Morphologische Unterschiede zwischen Kultur- und Wildgerste.....	5
2.3 Wirtschaftliche Bedeutung der Kulturgerste.....	6
2.4 Grundlagen der Selektion auf quantitative Merkmale.....	6
2.4.1 Wahl und Erstellung geeigneter Kreuzungspopulation bei selbstbefruchtenden Arten.....	7
2.4.2 Markersysteme.....	8
2.4.3 Erstellung genetischer Karten.....	13
2.4.4 Verfahren zur Berechnung putativer QTL.....	14
2.5 Lokalisierung von Kulturformallelen zur Verbesserung quantitativer Merkmale.....	16
2.5.1 Lokalisierung von Wildformallelen zur Verbesserung quantitativer Merkmale..	18
2.6 Arbeitshypothesen.....	21
<b>3 MATERIAL UND METHODEN.....</b>	<b>23</b>
3.1 Durchführung der phänotypischen Datenerhebung.....	23
3.1.1 Pflanzenmaterial.....	23
3.1.2 Standort.....	24
3.1.3 Versuchsanlage und Aussaat.....	25
3.1.4 Düngung und Pflanzenschutz.....	26
3.1.5 Probennahme und Ernte.....	26
3.2 Durchführung der genotypischen Datenerhebung.....	27
3.2.1 Isolierung genomischer Gersten-DNA.....	28
3.2.2 Verwendete Markersysteme.....	29
3.2.2.1 Mikrosatelliten-Marker.....	29
3.2.2.1.1 Amplifikation spezifischer DNA-Fragmente.....	29

3.2.2.2 AFLP-Marker-Analyse.....	31
3.2.3 Auftrennung und Anfärbung der Amplifikate.....	34
3.2.4 Auswertung der Mikrosatelliten .....	36
3.2.5 Auswertung der AFLP-Marker.....	38
3.3 Statistische Auswertung der Versuchsdaten .....	39
3.3.1 Varianzanalyse der Versuchsdaten .....	39
3.3.2 Korrelationberechnungen .....	40
3.3.3 Test der Spaltungsverhältnisse der Markerdaten.....	40
3.3.4 Kopplungsanalyse der verwendeten F <sub>2</sub> -Population.....	41
3.3.5 Bestimmung putativer QTL.....	41
<b>4 ERGEBNISSE.....</b>	<b>43</b>
4.1 Ergebnisse der phänotypischen Datenerhebung.....	43
4.2 Ergebnisse der molekularbiologischen Untersuchungen.....	52
4.2.1 Mikrosatelliten-Marker der Apex-Rückkreuzungspopulationen .....	52
4.2.2 AFLP-Marker der Apex-Rückkreuzungspopulation .....	53
4.2.3 Mikrosatelliten der Harry Rückkreuzungspopulation .....	54
4.2.4 Gemeinsam polymorphe Marker in den beiden Rückkreuzungspopulationen.....	55
4.2.5 Untersuchung auf abweichende Segregation .....	56
4.2.5.1 Untersuchungen der verwendeten Kreuzungspopulationen.....	56
4.2.5.2 Untersuchung der Apex-F <sub>2</sub> -Population .....	56
4.2.5.3 Untersuchung der Apex-Rückkreuzungspopulation .....	57
4.2.5.4 Untersuchung der Harry-Rückkreuzungspopulation .....	58
4.2.6 Erstellung der genetischen Karte der verwendeten Mikrosatelliten-Marker.....	59
4.3 Ergebnisse der AB-QTL-Analyse.....	62
4.3.1 Ergebnisse der AB-QTL-Analyse in der Apex-Rückkreuzungspopulation .....	63
4.3.2 Ergebnisse der AB-QTL-Analyse in der Harry-Rückkreuzungspopulation.....	74
4.3.3 Betrachtung der Allelwirkung gemeinsam vorhandener Marker in beiden Rückkreuzungspopulationen .....	88
<b>5 DISKUSSION.....</b>	<b>91</b>
<b>6 ZUSAMMENFASSUNG .....</b>	<b>115</b>
<b>7 LITERATURVERZEICHNIS .....</b>	<b>119</b>
<b>8 ANHANG .....</b>	<b>133</b>

## Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Darstellung einiger morphologischer Unterschiede der Gattung <i>Hordeum</i> , deren Vererbung und Lokalisierung. ....	9
Tabelle 2: Lokalisierung ausgewählter Ertrags- und Qualitätsmerkmale in Gerstenpopulationen nach Hayes <i>et al.</i> (2000).....	17
Tabelle 3: Bisher veröffentlichte AB-QTL-Analysen bei den Kulturformen Reis und Tomate. ....	20
Tabelle 4: Durchgeführte Pflanzenschutzmaßnahmen in den drei Versuchsjahren. ....	26
Tabelle 5: Untersuchte Merkmale, Termine der Feldbonituren unter Angabe der verwendeten Maßeinheiten. ....	27
Tabelle 6: Programmabläufe der verwendeten PCR-Programme. ....	30
Tabelle 7: PCR-Programm der Präamplifikation. ....	33
Tabelle 8: Touch-down PCR (Absenkung der Annealing-Temperatur). ....	34
Tabelle 9: Ergebnisse der Varianzanalyse bearbeiteter Merkmale aufgegliedert nach Varianzursachen. ....	44
Tabelle 10: Mittelwerte der bearbeiteten Merkmale beider Kultureltern und der jeweils abgeleiteten BC-Populationen in den einzelnen Versuchsjahren. ....	45
Tabelle 11: Merkmalskorrelationen der Mittelwerte über die phänotypischen Daten aller verwendeten Genotypen der Rückkreuzungspopulationen in den Versuchsjahren 1998 und 1999. ....	46
Tabelle 12: Merkmalskorrelationen der Mittelwerte über die phänotypischen Daten aller verwendeten Genotypen der Rückkreuzungspopulationen zwischen den Versuchsjahren 1997, 1998 und 1999. ....	47
Tabelle 13: Polymorphierate der verwendeten Marker zwischen den Kreuzungseltern Apex und ISR 101-23 und in der Apex-Rückkreuzungspopulation. ....	53
Tabelle 14: Polymorphe AFLP-Marker in der Apex-Rückkreuzungspopulation, unter Angabe der Fragmentgröße, des Auswertungsschlüssels und der gewählten Markerbezeichnung. ....	54
Tabelle 15: Polymorphierate der verwendeten Marker zwischen den Kreuzungseltern Harry und ISR 101-23 und in der Harry-Rückkreuzungspopulation. ....	55
Tabelle 16: Verteilung gemeinsamer polymorpher Marker in beiden Rückkreuzungspopulationen. ....	55
Tabelle 17: Genotypfrequenzen in den untersuchten Kreuzungspopulationen. ....	56
Tabelle 18: Abweichende Marker in der F <sub>2</sub> -Population, bei einem Signifikanzniveau von $\alpha \leq 0,01$ . ....	57

Tabelle 19: Marker mit abweichender Spaltung in der Apex-Rückkreuzungspopulation und der Anteil an den gesamt polymorphen Markern. ....	57
Tabelle 20: Marker mit abweichenden Spaltungsverhältnissen in der Harry-Rückkreuzungs-population und der Anteil an den gesamt polymorphen Markern. ....	58
Tabelle 21: Identische Markerloci mit abweichender Spaltung in beiden Rückkreuzungspopulationen.....	59
Tabelle 22: Putative QTL für das Merkmal Pflanzenhöhe, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	64
Tabelle 23: Putative QTL für das Merkmal Ährenlänge, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	65
Tabelle 24: Putative QTL für das Merkmal Körner/Ähre, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	66
Tabelle 25: Putative QTL für das Merkmal TKG1, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	67
Tabelle 26: Putative QTL für das Merkmal TKG2, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	67
Tabelle 27: Putative QTL für das Merkmal Korntrag pro Pflanze, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	68

Tabelle 28: Putative QTL für das Merkmal Biomasse pro Pflanze, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC<sub>2</sub>-Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....69

Tabelle 29: Putative QTL für das Merkmal Harvest-Index, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC<sub>2</sub>-Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....70

Tabelle 30: Putative QTL für das Merkmal Flächenertrag, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC<sub>2</sub>-Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....71

Tabelle 31: Zusammenstellung der stärksten merkmalssteigernden und merkmalsenkenden QTL-Regionen für die aufgeführten Merkmale und detektierte Effekte auf andere Merkmale in der Apex-Rückkreuzungspopulation. ....73

Tabelle 32: Putative QTL für das Merkmal Pflanzenhöhe, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC<sub>2</sub>-Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....75

Tabelle 33: Putative QTL für das Merkmal Ährenlänge, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC<sub>2</sub>-Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....76

Tabelle 34: Putative QTL für das Merkmal Ähren pro Pflanze, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC<sub>2</sub>-Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....77

Tabelle 35: Putative QTL für das Merkmal Körner pro Ähre, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC<sub>2</sub>-Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....78

Tabelle 36: Putative QTL für das Merkmal TKG1, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	80
Tabelle 37: Putative QTL für das Merkmal TKG2, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	80
Tabelle 38: Putative QTL für das Merkmal Kornertrag pro Pflanze, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	81
Tabelle 39: Putative QTL für das Merkmal Biomasse pro Pflanze, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	82
Tabelle 40: Putative QTL für das Merkmal Harvest-Index, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	83
Tabelle 41: Putative QTL für das Merkmal Flächenertrag, detektiert nach Def.: A (Vergleich der Signifikanzniveaus in den einzelnen Versuchsjahren) und Def.: B (Varianzanalyse). Die Darstellung der Jahresinteraktion und die prozentuale Wirkung der Allelsubstitution durch die Wildform gegen das homozygote Kulturformallel (AA-Allel) in der BC <sub>2</sub> -Population und den Kulturelter beziehen sich auf die Versuchsjahre 1998 und 1999. ....	84
Tabelle 42a:Zusammenstellung der stärksten merkmalssteigernden und merkmalsenkenden QTL-Regionen für die aufgeführten Merkmale und detektierte Effekte auf andere Merkmale in der Harry-Rückkreuzungspopulation. ....	86
Tabelle 42b:Zusammenstellung der stärksten merkmalssteigernden und merkmalsenkenden QTL-Regionen für die aufgeführten Merkmale und detektierte Effekte auf andere Merkmale in der Harry-Rückkreuzungspopulation. ....	85

Tabelle 43: Vergleich der Anzahl detektierter Polymorphismen von zwei Primerkombinationen in drei verschiedenen Kreuzungspopulationen.....95

Tabelle 44: Vergleich der Anzahl nach Definition A und B detektierter putativer QTL für die evaluierten Merkmale in den verwendeten Rückkreuzungspopulationen..... 101

Tabelle 45: In der Literatur angegebene Loci zur Beeinflussung des Merkmals Pflanzenhöhe, die in mindestens drei Kreuzungspopulationen detektiert wurden. .... 103

Tabelle 46: Einzelne in der Literatur angegebene QTL für das Merkmal Flächenertrag ..... 110

Tabelle A: Bearbeitete Mikrosatelliten-Marker in den verschiedenen Kreuzungspopulationen unter Angabe des zugeordneten Chromosoms und der Segregation. .... 133

Tabelle B: Ergebnisse des  $\chi^2$ -Testes auf abweichende Spaltung der Mikrosatelliten-Marker in der Apex-F<sub>2</sub>-Population. .... 136

Tabelle C: Ergebnisse des  $\chi^2$ -Testes auf abweichende Spaltung der Mikrosatelliten-Marker in der Apex-Rückkreuzungspopulation. .... 138

Tabelle D: Ergebnisse des  $\chi^2$ -Testes auf abweichende Spaltung der AFLP-Marker in der Apex-Rückkreuzungspopulation..... 139

Tabelle E: Ergebnisse des  $\chi^2$ -Testes auf abweichende Spaltung der Mikrosatelliten-Marker in der Harry-Rückkreuzungspopulation. .... 140

Tabelle F: Gemeinsam signifikante Marker-Merkmal-Kombinationen (MMK) zwischen den Apex- und Harry-Rückkreuzungspopulationen, detektiert nach linearer Regression von Marker auf Phänotyp. Ausgewertet ab einem Signifikanzniveau von  $\alpha \leq 0,05$ ..... 141



---

## Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: Graphische Darstellung des Genpools <i>Hordeum</i> nach v. Bothmer <i>et al.</i> (1995).....	4
Abb. 2: Kreuzungsschemata der verwendeten Rückkreuzungspopulationen unter Angabe der jeweils verwendeten Pflanzenzahlen. ....	24
Abb. 3: Auswertungsbeispiel für einen kodominanten Mikrosatelliten-Marker.....	36
Abb. 4: Auswertungsbeispiel für die Spaltung „1-4“.....	37
Abb. 5: Auswertungsbeispiel für die Spaltung „5-3“.....	37
Abb. 6: Auswertungsbeispiel für die Spaltung „1-4“.....	38
Abb. 7: Auswertungsbeispiel für die Spaltung „5-3“.....	39
Abb. 8: Genetische Kopplungskarte der Apex x ISR101-23 F <sub>2</sub> -Population unter Angabe der Zuordnung der Marker zu den einzelnen Kreuzungspopulationen. ....	61



## Abkürzungsverzeichnis

%	Angaben in Prozent
$\alpha$	Irrtumswahrscheinlichkeit
$\Sigma$	Summe
A	Adenin
Aa	heterozygote Genotypen
AA	homozygote Kulturelterform
aa	homozygote Wildelterform
Abb.	Abbildung
Abk.	Abkürzung
AB-QTL-Analyse	Advanced Backcross-Quantitative Trait Locus-Analyse
Ad	Adaptor
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphismen
Apex-BC	Apex-Rückkreuzungspopulation
BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub>	erste Rückkreuzung, erste Filialgeneration
BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub>	zweite Rückkreuzung, zweite Filialgeneration
Bin-Marker	binaeres Markersystem
bzw.	beziehungsweise
C	Cytosin
Chr.	Chromosom
CIM	Composite Interval Mapping
cM	centi-Morgan
Def.	Definition
dest	destilliert
d.h.	das heißt
DH-Linien	Doppel-Haploide-Linien
DNA	Desoxyribonukleinsäure
dNTP	2'-Desoxynukleotid-5'-triphosphat
DOS	Disk Operating System
dt/ha	Dezi-Tonne/Hektar
EC	Evaluation Code, dezimaler Code für das Entwicklungsstadium von Getreide
EMBL	European Molecular Biology Laboratory
F	Forward
F <sub>1</sub>	erste Filialgeneration
F <sub>2</sub>	zweite Filialgeneration
FAO	Food and Agriculture Organization of the United Nations
G	Guanin
g/ha	Gramm pro Hektar
ha	Hektar
<i>H.sp.</i>	<i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>spontaneum</i>
<i>H.v.</i>	<i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>vulgare</i>
Harry-BC	Harry-Rückkreuzungspopulation
Kap.	Kapitel
kg/ha	Kilogramm pro Hektar
kK/m <sup>2</sup>	keimfähige Körner pro Quadratmeter
<i>L.</i>	<i>Lycopersicon</i>
l/ha	Liter pro Hektar
LOD	Likelihood Odds Ratio
max.-Auspr.	maximale Ausprägung

---

MIM	Multiple Interval Mapping
min.-Auspr.	minimale Ausprägung
MMK	Marker-Merkmals-Kombination
n	Stichprobenumfang
ng	Nannogramm
ng/μl	Nannogramm pro Mikroliter
NIL	Nahe Isogene Linie
PCR	Polymerase Chain Reaction
Pfl.	Pflanze
PK.	Primerkombination
R	Reverse
RAPD	Random Amplified Polymorphisms DNA
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphisms
s	Standardabweichung
SNP	Single Nucleotide Polymorphisms
ssp.	subspecies
SSR	Single Sequence Repeat
T	Thymin
Tab.	Tabelle
<i>Taq</i>	<i>Thermus aquaticus</i>
UpM	Umdrehungen pro Minute
vs.	versus
z.B.	zum Beispiel