

## 8. Zusammenfassung

Das in der UPOV-Konvention festgelegte „Züchterprivileg“ sichert allen Züchtern die freie Verwendung von geschützten Sorten zur Schaffung neuer genetischer Variation und ist damit Garant für nachhaltigen Zuchtfortschritt. Da das Züchterprivileg jedoch auf verschiedene Weise unterlaufen werden kann, z. B. bei Re-Selektion innerhalb von geschützten Sorten, fortgesetzter Rückkreuzung zu geschützten Sorten, oder durch punktuelle gentechnische Veränderungen geschützter Sorten, wurde von der UPOV 1991 das Konzept der „abgeleiteten Sorten“ (essentially derived varieties, EDVs) eingeführt, um diesen Missbrauch zu verhindern. Eine Sorte ist demnach von einer Ausgangssorte abgeleitet, wenn (i) die Sorte sich zumindest in einem Registermerkmal von der Ausgangssorte unterscheidet, (ii) der Züchter die Sorte hauptsächlich aus der Ausgangssorte entwickelt hat und (iii) die Sorte weitestgehend genetisch identisch ist mit der Ausgangssorte.

Hauptziel dieser Arbeit war es, bei Mais verschiedene Methoden zur Feststellung der genetischen Übereinstimmung zwischen Ausgangssorte und potentiellen EDVs zu untersuchen und miteinander zu vergleichen, um eine theoretische und experimentelle Basis zur Festlegung von Grenzwerten zur Unterscheidung von EDVs und unabhängigen Sorten zu erarbeiten. Im Vordergrund stand dabei die Evaluierung von genetischen Distanzen (GDs) basierend auf molekularen Markern, wie „simple sequence repeats“ (SSRs) und „amplified fragment length polymorphisms“ (AFLPs) sowie Faktoren, welche die GD zwischen Eltern und Nachkommen bestimmen. Ebenso wurde die Möglichkeit untersucht, morphologische Merkmale oder Heterosis zur Bestimmung von EDVs zu verwenden. Einzelziele der Arbeit waren: (1) die Untersuchung der Variation von SSRs und AFLPs innerhalb von Maisinzuchtlinien; (2) die Bestimmung der Variation des Genombeitrags von Elternlinien zu ihren Nachkommenlinien; (3) die Unterscheidung von Maisinzuchtlinien aus F<sub>2</sub>-, BC<sub>1</sub>- und BC<sub>2</sub>-Nachkommenschaften anhand von SSR- und AFLP- basierten GDs sowie morphologischen Merkmalen und Heterosis; (4) die Verifikation von theoretischen und simulierten Daten aus einer Begleitstudie und (5) die Bewertung der Ergebnisse im Hinblick auf verschiedene in der Literatur vorgeschlagene EDV-Grenzwerte.

Insgesamt wurden 220 Flint-, Dent- und US-Maisinzuchtlinien mit 100 gleichmäßig über das Maisgenom verteilten SSRs genotypisiert. Darunter befanden sich 163

Triplets bestehend aus einer Nachkommenlinie und beiden Elternlinien, wobei erstere entweder aus einer F<sub>2</sub>-, BC<sub>1</sub>-, oder BC<sub>2</sub>- Population entwickelt wurde. Ein Teilsatz aus 58 Linien (38 Triplets) wurde zusätzlich mit 20 AFLP-Primerkombinationen genotypisiert. In einem dreiertigen Feldexperiment über zwei Jahre wurden darüber hinaus morphologische Merkmale und Heterosis für diese 38 Triplets erfasst.

Eine SSR- und AFLP-Analyse verschiedener Akzessionen derselben Maisinzuchtlinie, beispielsweise aus der Erhaltungszüchtung verschiedener Züchter oder aus unterschiedlichen Vermehrungsstufen, wurde zur Untersuchung der Variation von Markerdaten innerhalb von Maisinzuchtlinien herangezogen. Die GD zwischen Akzessionen derselben Linie betrug dabei im Mittel 0,03 für SSRs bzw. 0,01 für AFLPs und erwies sich damit als vernachlässigbar für die Bestimmung von EDV-Grenzwerten.

Der mit SSRs bestimmte elterliche Genombeitrag zu den F<sub>2</sub>-abgeleiteten Nachkommenlinien variierte zwischen 25% und 70% bei einem Mittel von 49%. Die Abweichung des Mittelwertes vom Erwartungswert von 50% lassen sich mit dem Auftreten nichtelterlicher Banden erklären, die bei 4% aller Datenpunkte detektiert wurden. Der Genombeitrag des rekurrenten Elters zu den BC<sub>1</sub>-abgeleiteten Nachkommenlinien variierte von 44% bis 79% bei einem Mittel von 64% und war dabei signifikant ( $P < 0,05$ ) kleiner als der Erwartungswert von 75%. Sowohl bei simulierten als auch bei experimentellen Daten wurden Überlappungen zwischen den GD-Verteilungen von F<sub>2</sub>- und BC<sub>1</sub>- abgeleiteten Linien zu ihren Eltern gefunden.

Eine Varianzanalyse ergab, dass bei F<sub>2</sub>-abgeleiteten Nachkommenlinien die Varianz der GD zwischen Elter und Nachkommenlinie ( $\sigma_{GD(p1,o)}^2$ ) zu ca. 34% durch die Varianz der GD der Elternlinien ( $\sigma_{GD(p1,p2)}^2$ ) und zu ca. 66% durch die Varianz des elterlichen Genombeitrags ( $\sigma_p^2$ ) erklärt wird. Für BC<sub>1</sub>-abgeleitete Nachkommenlinien erwies sich  $\sigma_{GD(p1,o)}^2$  als weitestgehend unabhängig von  $\sigma_{GD(p1,p2)}^2$ , da über 95% des Wertes von  $\sigma_{GD(p1,o)}^2$  durch  $\sigma_p^2$  erklärt wurden.

Unter der Annahme, dass die Ableitung einer Linie aus einer F<sub>2</sub>-Population ein akzeptiertes Verfahren wäre, die Ableitung aus einer BC<sub>1</sub>-Population jedoch nicht akzeptabel, wurde bei einem angenommenen Fehler 1. Art ( $\alpha$ ) von 0,05 je nach Genpool und verwendetem Markersystem ein Fehler 2. Art ( $\beta$ ) von 0,23 bis 0,37 festgestellt. Für einen

Grenzwert zwischen  $BC_1$  und  $BC_2$  liegt  $\beta$  zwischen 0,40 und 0,60 mit steigender Tendenz für höhere BC-Generationen. Für die in der Literatur vorgeschlagenen fixen Grenzwerte von  $T=0,25, 0,20, 0,15,$  und  $0,10$  wurden beträchtliche Differenzen für  $\alpha$  und  $\beta$  zwischen verschiedenen Genpools gefunden, was die Anwendung genpoolspezifischer Grenzwerte nahe legt. Ebenso sollten spezifische Grenzwerte für potentielle EDVs aus intra-pool Kreuzungen gegenüber inter-pool Kreuzungen entwickelt werden.

Die Trennung von  $F_2$ -,  $BC_1$ - und  $BC_2$ -abgeleiteten Nachkommenlinien auf der Basis von morphologischen Distanzen und Heterosis ergab für  $\alpha=0,05$   $\beta$ -Werte zwischen 0,50 und 0,95 je nach Merkmal bzw. Merkmalskombination. Sie erwies sich somit als wenig geeignet zur Identifikation von EDVs, da die  $F_2$  -,  $BC_1$ - und  $BC_2$ -Verteilungen deutlich stärker überlappten als die mit Marker ermittelten GDs.

Generell erwiesen sich SSRs und AFLPs als am besten geeignet, enge Verwandtschaftsbeziehungen zwischen Maisinzuchtlinien aufzudecken und zwischen Linien zu unterscheiden, die mittels akzeptierten bzw. nicht akzeptierten Zuchtverfahren erstellt wurden. Die in dieser Studie vorgestellten Ergebnisse können somit als exemplarisch für die Identifikation von EDVs betrachtet werden und können durch Adjustierung der entsprechenden Schwellenwerte auf andere diploide Kulturarten übertragen werden.