Klassifizierung von Bohnenherkünften nach morphologischen Merkmalen mit Hilfe multivariater Verfahren

ANDREAS GERTZ; WILHELM EBERHARD WEBER; GÜNTER WRICKE und MANFRED DAMBROTH

Institut für angewandte Genetik der Technischen Universität Hannover und Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung (FAL)

Einleitung

Die Erfahrung, daß die Mannigfaltigkeit der Kulturpflanzenarten in den letzten Jahrzehnten abgenommen hat, hat sowohl national als auch international vielfache Aktivitäten hervorgerufen, um solchen Verlusten entgegenzuwirken. Bei den heimischen Gemüsearten ist in Privatgärten der Bundesrepublik häufig noch eine große Variabilität vorhanden.

Dies war Anlaß, im Rahmen der Genbank des Instituts für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft auch eine Sammlung von Saatgutmustern der Gartenbohne (Phaseolus vulgaris) aus Deutschland anzülegen.

Der Wert einer solchen Sammlung hängt maßgeblich von der Evaluierung des gesammelten Materials ab. Um eine Sammlung der praktischen Pflanzenzüchtung nutzbar zu machen, ist es notwendig, über das Vorhandensein und die Verteilung von Werteigenschaften Informationen zu besitzen. Die vorliegende Untersuchung ist ein erster Versuch, das bei Bohnen vorliegende Material in dieser Richtung zu bearbeiten.

An den gesammelten Proben sowie aus einigen ausländischen Einsendungen wurden eine Reihe von morphologischen Merkmalen gemessen. Es sollte versucht werden, ob die gesammelten Samenmuster, die eine Vielzahl von unterschiedlichen Merkmalskombinationen darstellen, nach bestimmten Eigenschaften geordnet werden können und sich in mehr oder weniger einheitliche Gruppen einteilen lassen.

Material und Methoden

99 Bohnenmuster aus der Sammlung des Instituts für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft in Braunschweig wurden im Frühjahr 1984 im Gewächshaus bis zur Samenreife kultiviert. Je Muster wurden 10 Pflanzen untersucht. Im Laufe der Vegetation sind die in Tabelle 1 aufgeführten Merkmale bestimmt worden. Die nicht direkt meßbaren Eigenschaften wurden nach einer quantitativen Boniturskala ermittelt (nach IBPGR 1983 mit geringen Veränderungen). Als Vergleich dienten vier deutsche Bohnensorten:

'Brilliant' (grünhülsige Buschbohne, weißes Korn) Nr. 97, 'Fakta' (Trockenspeisebohne, weißes Korn) Nr. 98, 'Marona' (grünhülsige Buschbohne, braunes Korn) Nr. 99

'Sex' (Wachsbuschbohne, weißes Korn) Nr. 100.

Fünf der untersuchten Muster gehörten nicht der Art Phaseolus vulgaris an. Sie wurden deshalb nicht weiter berücksichtigt. Einige der Proben bestanden aus verschieden gefärbten Samen oder spalteten in Formen mit determiniertem und indeterminiertem Wuchs auf. Sie wurden getrennt weiterbehandelt.

Für die statistische Analyse sind die Mittelwerte aus den Pflanzen der insgesamt 125 Muster verwendet worden.

Bei der Clusteranalyse wird zunächst zwischen je 2 Proben der Grad der Ähnlichkeit in den gemessenen quantitativen Eigenschaften ermittelt. Dann werden die Muster schrittweise zu größeren Clustern aggregiert, indem immer jeweils die beiden Cluster mit der größten Ähnlichkeit fusionieren. Die vorliegende Analyse ist mit Hilfe des BMDP-Programmpakets (Bollinger et al., 1983, Methode P2M, Centroid-Verfahren) erstellt worden.

Bei dem Verfahren der Hauptkomponentenanalyse wird die ursprüngliche Anzahl von miteinander korrelierten Variablen auf eine kleinere Anzahl von nichtkorrelierten Variablen, den Hauptkomponenten reduziert. In welcher Weise die gemessenen Merkmale in die Hauptkomponenten eingehen, ergibt sich aus den Ladungen der Hauptkomponenten. Die untersuchten Proben lassen sich an Hand weniger Hauptkomponenten übersichtlich darstellen. Die Hauptkomponentenanalyse ist mit dem Programmpaket SPSS (Nie et al., 1975, Programm Faktor, Methode PA 1, Eigenwert größer 1, Rotation Varimax) durchgeführt worden.

Ergebnisse

Die Clusteranalyse erstellt ein Baumdiagramm, in dem die ursprünglich 125 Bohnenmuster schrittweise nach ihrer Ähnlichkeit zusammengefaßt werden. Abbildung 1 zeigt die letzten 28 Schritte dieser Zusammenfassung. 19 Einzelproben unterscheiden sich so stark von den übrigen Mustern, daß sie nicht mit anderen zu einer Gruppe zusammengefaßt wurden. Die restlichen 106 Muster bilden 10 Cluster, die sich durch wenige Merkmale beschreiben lassen:

| Cluster 1 | _ | fadenlose | Buschboh | nen | mit | hellem | Korn |
|-----------|---|------------|-------------|-------|-------|-----------|--------|
| | | (Muster 1, | , 7.1, 7.2, | 14, | 20.1, | 21, 34, | 42.2, |
| | | 44.3, 49, | 50.1, 50.2 | , 56, | 57, 5 | 58, 65, 8 | 0, 92, |
| | | 97, 99, 10 | 3) | | | | |

Cluster 2 - Stangenbohnen mit weißem Korn (Muster 46, 81)

Cluster 3 - fadenlose Buschbohnen mit gestreiftem Korn (Muster 10, 41, 90)

Cluster 4 - fädige Buschbohnen mit gestreiftem Korn (Muster 4, 8, 27, 28, 36, 53.2)

Cluster 5 - fädige Stangenbohnen mit gestreiftem Korn (Muster 66, 69, 86)

Cluster 6 - fädige Buschbohnen mit hellem Korn (Muster 2.1, 2.2, 5, 6, 9, 11, 12, 15, 16, 18, 19, 23, 24, 25.1, 26, 29, 30, 33, 35, 38, 39, 42.3, 43, 44.1, 45.1, 47, 52, 55, 67, 77, 79, 93, 94, 95, 98, 101, 102)

- Cluster 7 Halbranker mit hellem Korn (Muster 59.2, 59.3, 59.4, 60.1, 60.2, 60.3, 61, 64, 84, 89)
- Cluster 8 Buschbohnen mit schwarzem Korn (Muster 17, 20.2, 48, 91.1)
- Cluster 9 Halbranker mit schwarzem Korn (Muster 68, 70, 71, 74, 75, 78, 83)

Cluster 10 - stark rankende Bohnen mit schwarzem Korn Muster 72, 73, 76)

Die Ladungen der 24 gemessenen Merkmale auf die ersten 7 Hauptkomponenten mit einem Eigenwert > 1 zeigt Tabelle 1. Aus Gründen der Übersicht sind nur die Ladungen > 0,25 in die Tabelle aufgenommen.

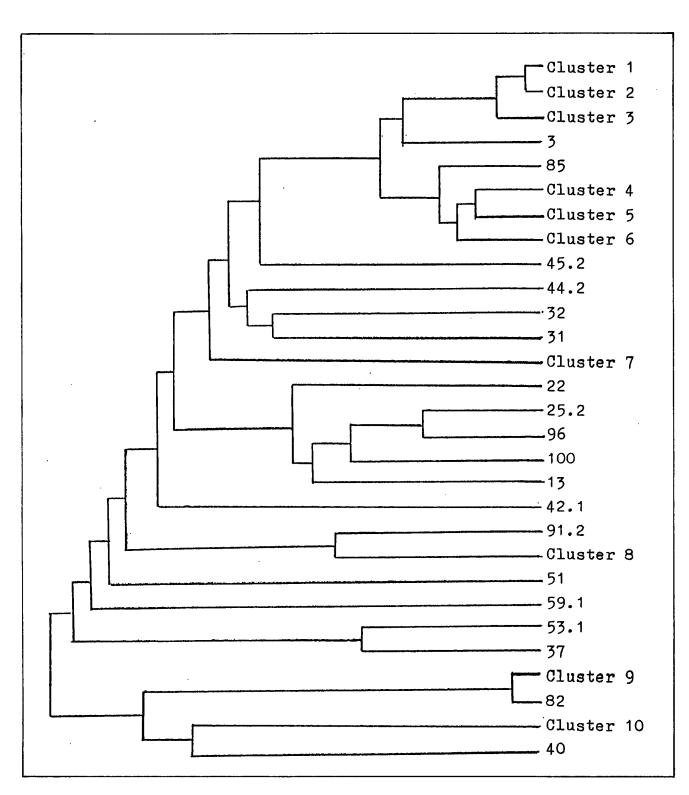


Abbildung 1: Clusterbasis — Strukturdiagramm

Tabelle 1: Ladungen der Merkmale auf die ersten 7 Faktoren (Hauptkomponenten).

| | Faktor 1 | Faktor 2 | Faktor 3 | Faktor 4 | Faktor 5 | Faktor 6 | Faktor 7 |
|--------------------------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| Keimblatt-Rotanteil | 0,865 | | _ | _ | | | |
| Keimblatt-Gelbanteil | Í – | _ | _ | _ | mene | _ | 0,871 |
| Hypokotylfarbe | -0,851 | _ | _ | | | | |
| Blattlänge | _ | _ | 0,859 | _ | _ | _ | _ |
| Blattbreite | - | _ | 0,786 | _ | _ | _ | _ |
| Aufgang bis Blüte | 0,406 | 0,267 | -0,579 | -0,252 | -0,298 | | _ |
| Farbe der Fahne | 0,859 | | | _ | _ | | _ |
| Farbe der Flügel | 0,915 | _ | _ | _ | _ | _ | _ |
| Blüten/Blütenstand | | -0,645 | 0,257 | | 0,271 | _ | _ |
| Hülsengrundfarbe | _ | - | _ | _ ` | - | 0,922 | |
| Hülsendeckfarbe | 0,384 | _ | - | 0,770 | _ | 0,722 | |
| Hülsenkrümmung | _ | -0,467 | -0,356 | - | 0,537 | | |
| Hülsenquerschnitt | | -0,893 | - | _ | 0,557 | | |
| Hülsenlänge | _ | - | 0,455 | _ | 0,763 | _ | |
| Hülsenbreite | -0,306 | 0,688 | 0,282 | 0,289 | 0,703 | | |
| Fädigkeit | | 0,780 | - | 0,207 | _ | | _ |
| Hülsenfasergehalt | - | 0,859 | _ | _ | | _ | _ |
| Hülsenfarbe bei Reife | 0,452 | | _ | 0,581 | _ | _ | |
| Blüte bis Reife | - 0,102 | | _ | | 0,335 | -0,297 | 0,482 |
| Samengewicht | -0,341 | 0,308 | 0,587 | 0,282 | 0,555 | -0,291 | 0,402 |
| Samenform | - 0,5 11 | - | 0,282 | 0,202 | 0,831 | _ | _ |
| Samenmuster | _ | Agenta. | | 0,836 | 0,031 | _ | _ |
| Samenfarbintensität | 0,778 | | | 0,264 | | _ | _ |
| Wuchstyp | | 0,256 | -0,791 | - | _ | | _ |
| Varianz | 4,670 | 3,592 | 3,523 | 2,290 | 2,047 | 1,223 | 1,154 |
| Varianz in % der Gesamtvarianz | 19,5 % | 15,0 % | 14,7 % | 9,5 % | 8,5 % | 5,1 % | 4,8 % |
| kumulierte % | 19,5 % | 34,5 % | 49,2 % | 58,7 % | 67,2 % | 72,3 % | 77,1 % |

Die meisten der untersuchten Merkmale zeigen nur auf eine der ersten 7 Hauptkomponenten eine starke Ladung. Die Hauptkomponenten bilden Gruppen von miteinander korrelierten Merkmalen.

Hauptkomponente (Anthozyanfaktor)

In diese Hauptkomponente geht vor allem die Färbung einzelner Pflanzenteile ein. Starke Ladung haben Keimblattfarbe Rotanteil, Hypokotylfarbe, Blütenfarbe und Samenfarbintensität.

2. Hauptkomponente (Hülsenfaktor)

Hier werden vor allem Hülsenmerkmale berücksichtigt. Breite Hülsen mit flachem Querschnitt, mit Fäden und hohem Fasergehalt sind mit einer geringen Zahl von Blüten pro Infloreszenz korreliert.

3. Hauptkomponente (Wuchsfaktor)

Die Eigenschaften Wuchsform und Blattgröße sind miteinander korreliert. Stangenbohnen haben kleinere Blätter. Weiterhin brauchen die meisten indeterminierten Bohnen längere Zeit bis zur Blüte und haben durchschnittlich kleinere Samen.

4. Hauptkomponente (Streifenfaktor)

Starke Ladungen haben hier die Merkmale Samenzeichnung und Musterung der Hülsen.

Hauptkomponente (Hülsenlängenfaktor)

Lange gekrümmte Hülsen mit länglichen Samen führen zu einem hohen Wert bei dieser Hauptkomponente.

6. Hauptkomponente (Wachsbohnenfaktor)

Hier geht vor allem die Eigenschaft Hülsengrundfarbe, ob grün oder gelb, ein.

7. Hauptkomponente (Restfaktor)

In dieser Hauptkomponente zeigen die bei den anderen Faktoren kaum berücksichtigten Merkmale Keimblattfarbe-Gelbanteil und Zeit von der Blüte bis zur Reife eine stärkere Ladung. Beide sind mit keinem der anderen Merkmale und auch nicht untereinander eng korreliert.

Die Verteilung der Werte für die 1. und 2. Hauptkomponente der Einzelmuster von Buschbohnen aus den verschiedenen Herkunftsländern zeigt Abbildung 2.

Es bestehen Unterschiede in der Merkmalsausprägung bei den Proben aus den einzelnen Herkunftsländern. Hohe Werte für beide Hauptkomponenten (schwarzes Korn, anthozyanreiche Pflanzenteile, flache faserreiche Hülsen) zeigen nur mexikanische und brasilianische Muster. Die Proben aus Tunesien und dem Iran sind sich sehr ähnlich und haben niedrige Werte für die 1. und hohe Werte für die 2. Hauptkomponente (weißes Korn, anthozyanarm, flache faserreiche Hülsen). Niedrige Werte für die 2. Hauptkomponente (runde faserarme Hülsen) kamen fast nur bei den europäischen Mustern vor, einzig die brasilianische Probe 103 stellt eine Ausnahme dar. In einem Teil des Diagramms, bei hohen Werten für die 2. Hauptkomponente und geringen bis mittleren Werten für die 1. Hauptkomponente kommt es aber zu starken Überschneidungen von Mustern aus allen Herkunftsgebieten.

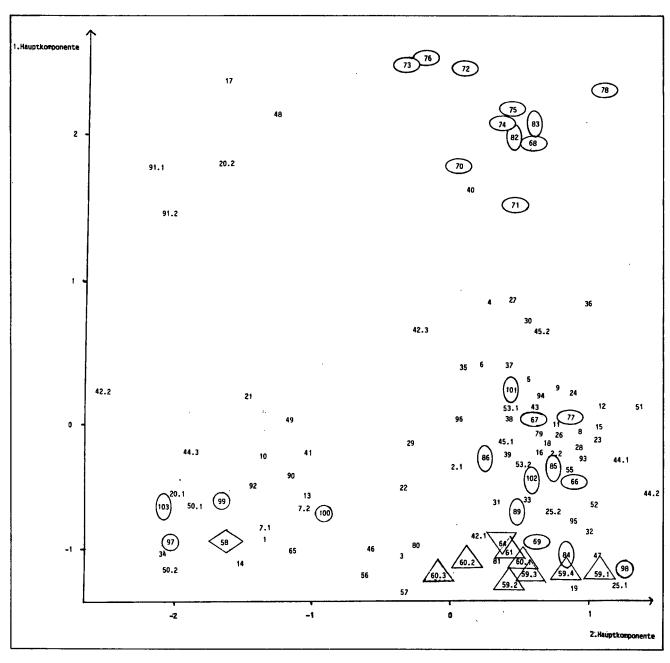


Abbildung 2: Einzelmuster von Buschbohnen aus den verschiedenen Herkunftsländern

Diskussion

Die Clusteranalyse vermag zwar nicht alle Proben in klar umrissene Gruppen einzuteilen; die meisten Bohnenproben können aber zu Clustern zusammengefaßt werden. Diese lassen sich durch die drei wirtschaftlich wichtigen Eigenschaften Kornfarbe, Fädigkeit und Wuchstyp beschreiben, obwohl alle Merkmale gleichwertig für die Klassifizierung benutzt worden sind. Als Ergebnis der Analyse liegen Gruppen von ähnlichen Mustern und solche Einzelproben vor, die sich in ihren Merkmalen oder in ihren Merkmalskombinationen von den anderen stark unterscheiden. Beides kann für die Auswahl von Genotypen in der Züchtung nützlich sein.

Mit der Hauptkomponentenanalyse sollten zwei Ziele verfolgt werden: Aufteilung der Merkmale in Gruppen miteinander korrelierter Variablen und eine übersichtliche Darstellung der Proben durch wenige Faktoren.

Die meisten untersuchten Merkmale zeigen eine hohe Ladung für eine der ersten 7 Hauptkomponenten, die ersten 6 Hauptkomponenten bilden Gruppen von miteinander korrelierten Merkmalen.

Erklärungen für die Korrelation einzelner Merkmale finden sich bei Lamprecht (1936/37 und 1947) und Prakken (1970, 1972 und 1974). Vier Gene, P, T, V und C, haben einen pleiotropen Effekt auf die Färbung ver-

schiedener Pflanzenteile wie Keimling, Blüte und Same. Gene für Samenstreifung und Hülsenmusterung sind eng miteinander gekoppelt (Prakken, 1974).

Eine Korrelation zwischen Wuchsform und Blattgröße beschreibt S martt (1969). Um die Verringerung der Assimilationsfläche durch die Begrenzung der Blattzahl bei determinierten Formen auszugleichen wurden Typen mit größeren Blättern selektiert. Ein Grund für die Korrelation der Hülsenmerkmale in Faktor 2 kann darin liegen, daß relativ hochgezüchtete Formen mit runden schmalen faserarmen und fadenlosen Hülsen und vielen Blüten pro Infloreszenz relativ primitiven Formen gegenüberstanden, die sich durch weniger Blüten pro Blütenstand und durch Wildpflanzenmerkmale wie flache, faserreiche und fädige Hülsen auszeichnen.

Die als Beispiel gezeigte Verteilung der Muster nach ihren Werten für die 1. und 2. Hauptkomponente läßt zwei Schlüsse zu:

- 1. Die alten deutschen Landsorten zeigen im Gegensatz zu heute zugelassenen Buschbohnensorten (Nr. 97, 99, 100) eine große Variabilität in Hülsenmerkmalen und Farbstoffausbildung. Nur Typen, die zugleich extrem farbstoffreich und faserreich sind, sind selten, eine Ausnahme ist hier die Probe 40. Gründe für diese Verarmung der Variabilität bei den morphologischen Merkmalen liegen in den Qualitätsansprüchen der Verbraucher, die faserarme, fadenlose rein grüne oder gelbe Hülsen fordern. Bohnen für die Naßkonservierung sollten darüber hinaus weiße Körner besitzen, um die Konservenflüssigkeit nicht zu trüben.
- 2. Die ausländischen Proben haben fast alle flache faserreiche Hülsen. Ein Grund hierfür ist die hauptsächliche Nutzung von Trockenbohnen in Südamerika, weniger die der grünen Hülsen. Faserreiche Hülsen lassen sich besser dreschen als faserarme. In Mischbeständen haben flache faserreiche Bohnentypen eine höhere Fitness als runde und faserarme (Buttenschön, 1978). Auch die deutsche Trockenbohnensorte 'Fakta' (Nr. 98) hat einen solchen Hülsentyp.

Der Vorteil der graphischen Darstellung von Pflanzenmustern gegenüber der genauen Beschreibung durch Listen von allen untersuchten Merkmalen liegt in der Möglichkeit der schnellen Gliederung der Proben. So liegen z.B. in Abbildung 2 alle Muster vom Typ der heutigen Grünpflückbohnen links unten, alle Muster vom Typ einer schwarzkörnigen Trockenkochbohne oben rechts. Nicht so eindeutig ist aber das Heraussuchen von Typen, deren Merkmalskombination nicht der im Untersuchungsmaterial vorgefundenen Korrelation entspricht, z.B. Bohnen mit flachen, breiten aber faserarmen Hülsen. Diese haben einen mittleren Wert für die 2. Hauptkomponente und unterscheiden sich darin nicht von Typen mit mittelbreiten Hülsen und mittlerem Fasergehalt.

Zusammenfassung

103 Samenmuster von Gartenbohnen aus Deutschland, Mexiko, Brasilien, Tunesien, den Niederlanden und dem Iran wurden im Gewächshaus kultiviert und auf 24 morphologische Eigenschaften hin untersucht. Ein Teil der Muster bestand aus Mischungen deutlich unterscheidbarer Genotypen und wurde in Untergruppen gegliedert. Mit zwei multivariaten Verfahren, der Clusteranalyse und der Haupt-

komponentenanalyse, sollte versucht werden, eine Gliederung des vorhandenen Genbankmaterials an deutschen Landsorten von Gartenbohnen vorzunehmen.

Eine Clusteranalyse teilte die Proben in 10 Cluster einander ähnlicher Proben; 19 Proben konnten nicht eingeteilt werden. Durch eine Hauptkomponentenanalyse konnten die 24 untersuchten Merkmale zu Gruppen miteinander korrelierter Eigenschaften zusammengefaßt werden. Die Darstellung der Proben in Diagrammen aus je zwei Hauptkomponenten ermöglicht ein übersichtliches Bild der Merkmalsverteilung der Muster.

Classification of bean provenances according to morphological characteristics by means of multivariate methods

103 seed samples of garden bean from Germany, Mexico, Brasil, Tunesia, the Netherlands and Iran were cultivated in the greenhouse and investigated for 24 morphological characteristics. One part of the samples were mixtures of distinctly differing genotypes which were subdivided. By means of two multivariate methods, as there are cluster analysis and main component analysis, it was tried to classify the available genebank material of German landraces of garden beans.

The cluster analysis classifies the samples into 10 cluster of resembling samples; 19 samples could not be classified. By means of the main component analysis the 24 investigated characteristics could be comprised to groups of correlated characteristics. A diagram of two main components each of the samples gives clear information on the characteristic distribution of the samples.

Literatur

Bollinger, G.; A. Herrmann; V. Möntmann: BMDP, Statistikprogramme für Bio-, Human- und Sozialwissenschaften (1983), G. Fischer Verlag, Stuttgart, New York.

Buttenschön, H.: Probleme der Saatgutproduktion qualitativ hochwertiger Gemüsesorten für die Verarbeitungsindustrie aus quantitativ-genetischer Sicht, Industrielle Obst- und Gemüseverwertung 65 (1978), S. 107-111.

Lamprecht, H.: Über die Vererbung der Blüten- und Stammfarben, Hereditas 21 (1935/36), S. 129-166.

Lamprecht, H.: The seven alleles of the gene R of Phaseolus, Agri Hortique Genetica V (1947), S. 47-64.

Nie, N.H.; C. Hadlai Hull; J.G. Jenkins; K. Steinbrenner; D.H. Bent: SPSS (Statistical package for the social science), McGrow Hill Book Company (1975), New York.

Prakken, R.: Inheritance of colours in Phaseolus vulgaris L. II, A critical review, Meded. Landb. Wageningen 70-23 (1970), S. 1-38.

Prakken, R.: Inheritance of colours in Phaseolus vulgaris L. III, On genes for red seedcoat colour and a general synthesis, Meded. Landb. Wageningen 72-29 (1972), S.1-79.

Prakken, R.: Inheritance of colours in Phaseolus vulgaris L. IV, Recombination within the complex locus C, Meded. Landb. Wageningen 74-24 (1974), S. 1-36.

S m a r t t, J.: Evolution of American Phaseolus beans under domestication. — In: U c h o, P.J.; G.V.D i m p l e-b y (eds.): The domestication and exploritation of plants and animals, London (1969), S.451-462.

Verfasser: Gertz, Andreas, Dipl.-Ing. agr.; Weber, Wilhelm Eberhard, Dr.; Wricke, Günter, Prof. Dr., Institut für angewandte Genetik der Technischen Universität Hannover, Leiter: Professor Dr. J. Grunewaldt; Dambroth, Manfred, Prof. Dr. agr., Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft Braunschweig-Völkenrode (FAL), Leiter: Professor Dr. agr. M. Dambroth.