

Schriften zu Genetischen Ressourcen

Schriftenreihe der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information
Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV)

BAND 24

Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen

Tagungsband eines Symposiums am 27. September 2004
in Mariensee, Neustadt a. Rbge.

Herausgeber dieses Bandes

**F. Begemann
S. Schröder
S. Weigend**

Herausgeber: Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI)
Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV)
Villichgasse 17, D – 53177 Bonn
Tel: (0228) 95 48 - 202
Fax: (0228) 95 48 - 220
Email: ibv@zadi.de

Layout: Aileen Rochert

Druck: Druckerei Martin Roesberg
Geltorfstr. 52
53347 Alfter-Witterschlick

Schutzgebühr 9,- €

ISSN 0948-8332

© ZADI Bonn, 2005

Diese Publikation ist im Internet verfügbar unter:
<http://www.genres.de/infos/igrreihe.htm>

Vorwort der Herausgeber

Das alljährlich zum Thema der genetischen Ressourcen für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten vom Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV) der ZADI durchgeführte Symposium lud 2004 unter dem Titel "Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen" ein. Das Symposium wurde gemeinsam mit der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL), Institut für Tierzucht, und dem Beirat für Genetische Ressourcen beim Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) am 27. September im Institut für Tierzucht in Mariensee, Neustadt a. Rbge., veranstaltet. Der vorliegende Tagungsband enthält die Vorträge des Symposiums und eine zusammenfassende Diskussion und Schlussfolgerung aus dem Beirat für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft.

Eröffnet wurde das Symposium mit einem Grußwort von Herrn Dr. Bajorat des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL). Dr. Bajorat betonte in seinem Vortrag den „technischen“ Charakter des diesjährigen Tagungsprogramms, das darauf zielte, Forschungsbedarf im Bereich der Erhaltungsverfahren, Chancen der Genomforschung in der Erhaltungsarbeit, Möglichkeiten aus der Kombination verschiedener Erhaltungsmethoden, *ex-situ* und *in-situ*, und Verfahren zur Bewertung genetischen Vielfalt zu identifizieren.

Zwei Themenschwerpunkte gliederten den Vortragsteil der Veranstaltung:

- Im ersten Themenblock wurden die „Methoden zur Untersuchung der genetischen Vielfalt und Unterscheidbarkeit von Populationen, Sorten, Rassen“ vorgestellt.
- Der zweite Themenblock war den „Kriterien zur Entscheidungshilfe für Erhaltungsmaßnahmen“ gewidmet.

Mit der Themenwahl des Symposiums verbanden die Veranstalter das Ziel, eine Gelegenheit zu schaffen, aktuelle Informationen zu den Verfahren der Erhaltung von genetischen Ressourcen zusammenzutragen und diese in einem fachkundigen Expertenkreis diskutieren zu können. Hintergrund war, dass die heute angewandten Verfahrensweisen der Erhaltung historisch gewachsen sind. Aktuell lässt jedoch eine weiter beschleunigte Dynamik des Verlustes von Biodiversität auf der Fläche und in der Produktion, bei knappen finanziellen Mitteln der öffentlichen Hand, Fragen nach erhöhter Effizienz der angewandten Verfahren und nach nachvollziehbaren Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen immer dringender werden. Hinzu kommt, dass eine extrem schnell fortschreitende Methodenentwicklungen im molekularbiologischen Bereich ständig verbesserte Möglichkeiten der genetischen Charakterisierung und damit möglicherweise auch einer effizienteren Auswahl des zu erhaltenden biologischen Materials bietet. Erhaltungspraxis, Politik und Wissenschaft benötigen zur Erfolgskontrolle der Wirksamkeit angewandter Verfahren und zur Überwachung der langfristigen Entwicklung der genetischen Vielfalt die Einführung aussagekräftiger Monitoringverfahren.

In diesem Zusammenhang stellten sich ganz konkrete Fragen, z.B.: Wie hat die genetische Charakterisierung Einzug in die tägliche Erhaltungspraxis genommen und kann sie genutzt werden, um die Effizienz durch die Vermeidung von unnötigem „Dublettenmaterial“ zu erhöhen? Sind sog. „Ramsche“ eine Alternative in der Genbankerhaltung pflanzengenetischer Ressourcen und eine Möglichkeit der Effizienzsteigerung ohne Verlust genetischer Informationen? Wie steht es um die Integrität langfristig in Genbanken gehaltenen und mehrfach reproduzierten pflanzlichen Materials? Welche Kriterien stehen als Entscheidungshilfen für die Auswahl des in Erhaltungsmaßnahmen einzubeziehenden Materials zur Verfügung? Gibt es Erfahrungswerte, die sinnvollerweise zwischen Erhaltungsinstitutionen für pflanzen-, tier-, forst- und aquatischen genetischen Ressourcen überprüfend ausgetauscht werden können?

Viele Antworten gaben bereits die Redner der Veranstaltung in ihren Vorträgen und somit die Autoren der schriftlichen Beiträge dieses Tagungsbandes. Aber auch die regen Diskussionen am Ende der beiden thematischen Blöcke zeigten, dass das Konzept der Veranstalter, durch eine Gesamtschau im Programm über pflanzen- und tiergenetische Ressourcen hinweg, ein fachkundiges Publikum zusammenzubringen, das in der Lage ist, Empfehlungen zur Überprüfung oder Steigerung der Effizienz gegenwärtiger Erhaltungsmaßnahmen auszusprechen bzw. Erhaltungskriterien zu entwickeln, erfolgreich war.

Der Beirat für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft hat sich als Konsequenz aus den Präsentationen und Diskussionen des Symposiums entschlossen, eine zusammenfassende Stellungnahme mit Empfehlungen zu den Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen für genetische Ressourcen im vorliegenden Tagungsband zu veröffentlichen.

Aus Sicht der Veranstalter bleibt zu hoffen, dass die weitere Diskussion zu den Kriterien und Methoden im Zusammenhang mit Erhaltungsmaßnahmen durch diese Veranstaltung und die hier vorliegende Veröffentlichung der Ergebnisse weiter belebt wird und damit zur Identifikation der notwendigen und effektivsten Strategien zur Erhaltung einer reichen Vielfalt bei den genetischen Ressourcen in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft beiträgt.

F. Begemann, S. Schröder ZADI, Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV)
und S. Weigend FAL, Institut für Tierzucht (TZ)

Preface of the editors

In 2004 the annual symposium in the field of genetic resources for food, agriculture and forestry, organised by the Information Centre for Biological Diversity (IBV) of ZADI, focused on the "Analysis and evaluation of genetic diversity in agriculture, forestry and fishery to derive decision criteria for conservation measures". The symposium was organised in co-operation with the Federal Agriculture Research Centre (FAL), Institute for Animal Breeding, and the Advisory Board for Biodiversity and Genetic Resources at the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL). It took place on 27 September at the Institute for Animal Breeding in Mariensee, Neustadt a. Rbge.. These proceedings contain all presentations of the symposium and a recapitulatory discussion with conclusions by the Advisory Board for Biodiversity and Genetic Resources by the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture.

During the opening the symposium was addressed by Dr. Bajorat of the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL). Dr. Bajorat stressed the technical character of the conference program in 2004 which was aimed to identify research needs, possibilities of genomic analysis regarding conservation of genetic resources, chances of the combination of different conservation methods, ex situ and in situ, and criteria to assess biodiversity.

Two main topics were addressed by the symposium:

- *The first session covered "Methods for the identification of genetic diversity and the differentiation of populations, varieties, breeds" were presented.*
- *The second session were dedicated to the "Relevant criteria in decision-making processes for conservation measures".*

With the thematic choice of the symposium the organisers strove for the goal to create an opportunity to gather and discuss current information on the procedures used for the conservation of genetic resources. It was evident that procedures in current use grew historically. Today, in light of limited public funds and due to the increasing loss of biodiversity in situ and on farm questions about increased efficiency of the applied procedures and about related criteria for conservation measures become more urgent. In addition, extremely fast progress in the development of genomic analysis methods continuously improves opportunities of genetic characterisation and concomitantly allows maybe more efficient selection of the biological material for conservation measures. Conservation practice, politics and science need the introduction of meaningful monitoring procedures for the control of progress and effectiveness of applied methods and for the monitoring of the long-term development of the genetic diversity.

Concrete questions in this context are, e.g.: how is the genetic characterisation incorporated in the daily conservation practice and how is it used, in order to increase the efficiency by helping to avoid unnecessary "duplicates"? Are the so-called "bulks" an alternative method in genebank conservation of plant genetic resources and a

possibility to increase efficiency? How is the integrity of plant material held in genebanks long-term and reproduced several times? Which criteria are available supporting the selection of material for conservation measures? Are there experiences or information, which should be exchanged across institutions involved in the conservation of plant, animal, forest and aquatic genetic resources?

Many answers were given already by the speakers and thus the authors of the written contributions in hand. In addition, the lively discussions at the end of both thematic sections showed that the concept of the organisers by bringing together plant and animal genetic aspects in the program and an audience which was able to express recommendations regarding the examination of the efficiency of present conservation measures and the identification of criteria for conservation measures respectively, was successful.

The Advisory Board for Biodiversity and Genetic Resources by the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture decided as a consequence of the competent presentations and discussions of the symposium to publish a recapitulatory statement with recommendations regarding the decision criteria for conservation measures for genetic resources within this conference volume.

The organisers hope that further discussions on the criteria and methods regarding the conservation measures are inspired by this meeting and that this publication of the results may contribute to the identification of the necessary and the most effective strategies for the conservation of a rich diversity of genetic resources in agriculture, forestry and fishery.

F. Begemann, S. Schröder *ZADI, Information Centre for Biological Diversity (IBV)*
and S. Weigend *FAL, Institute for Animal Breeding (TZ)*

Inhaltsverzeichnis*Table of contents*

Vorwort der Herausgeber <i>Preface of the editors</i>	I
Inhaltsverzeichnis <i>Table of contents</i>	V
Grußwort des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) <i>Welcome address by the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL)</i> H. BAJORAT.....	VII
Zusammenfassende Diskussion und Schlussfolgerungen des Beirats für Biodiversität und genetische Ressourcen beim BMVEL <i>Recapitulatory discussion and conclusions of the "Beirat für Biodiversität und genetische Ressourcen" at the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL)</i> H.-R. GREGORIUS, B. HARLIZIUS und J. ENGELS	XI
 Themenblock 1: Methoden zur Untersuchung der genetischen Vielfalt und Unterscheidbarkeit von Populationen, Sorten, Rassen <i>Section 1: Methods for the identification of genetic diversity and the differentiation of populations, varieties, breeds</i> 	
Identifizierung genetischer Vielfalt als Voraussetzung einer effizienten Erhaltung der Ressourcen in Genbanken <i>Identification of genetic diversity as precondition of efficient preservation in genebanks</i> K. DEHMER.....	1
Methodik zur Bestimmung im wesentlichen abgeleiteter Sorten <i>Identification of essentially derived varieties</i> V. KORZUN und M. HECKENBERGER	7
Etablierte Methoden zur genetischen Differenzierung von forstlichen Genressourcen als Voraussetzung der Generhaltung im Forst <i>Established methods for genetic differentiation of forest genetic resources as pre- condition for gene conservation in forests</i> B. DEGEN.....	15

Genetische Differenzierung von Nutzierrassen und -populationen <i>Genetic differentiation of livestock breeds and populations</i> O. DISTL	27
Verwandtschaftsverhältnisse aquatischer genetischer Ressourcen am Beispiel des Karpfens <i>Relationships of aquatic genetic resources taking the common carp as an example</i> K. KOHLMANN	46
 Themenblock 2: Kriterien zur Entscheidungshilfe für Erhaltungsmaßnahmen <i>Section 2: Relevant criteria in decision-making processes for conservation measures</i>	
Genetische Integrität selbst- und fremdbefruchtender Arten in <i>Ex-situ</i> -Sammlungen <i>Genetic integrity in self and open pollinating species maintained in ex-situ collections</i> A. BÖRNER, S. CHEBOTAR, V. KORZUN und M. S. RÖDER.....	59
Genetische Diversität bei <i>Beta</i> – Messen und Bewerten als Entscheidungshilfe für eine effiziente <i>Ex-situ</i> - und <i>In-situ</i> -Erhaltung <i>Genetic diversity of the genus Beta – measurement and valuation as decision guidance for efficient ex-situ and in-situ preservation measures</i> L. FRESE	66
Genetisches Langzeitmonitoring im Wald unter Berücksichtigung der <i>In-situ</i> - und <i>Ex-situ</i> -Erhaltungsmaßnahmen <i>Forest genetic long-term monitoring with regard to in-situ and ex-situ conservation measures</i> W. D. MAURER.....	82
Entscheidungsstrategien zur Planung von Erhaltungsmaßnahmen bei Nutzierrassen <i>Strategy to plan conservation measures concerning animal breeds</i> H. SCHERTLER.....	91
Erhaltungsmaßnahmen von Nutzierrassen in Notfallsituationen am Beispiel der Scrapieresistenz beim Schaf <i>Preservation programmes for rare domestic breeds in emergencies, resistance to scrapie in sheep as example</i> T. A. SCHMIDT	98
 Liste der Teilnehmer/innen <i>List of participants</i>	105

Grußwort des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL)

Welcome address by the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL)

HARALD BAJORAT¹

Sehr geehrte Damen und Herren,

ich begrüße Sie im Namen des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft zu dem diesjährigen Symposium der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information.

Die Symposien des IBV haben bereits eine lange Tradition und damit auch das Grußwort des BMVEL an dieser Stelle.

Ich weiß, dass Sie, Herr Dr. Begemann, es gerne sähen, wenn heute einer unserer Staatssekretäre hier wäre. Leider lässt sich das nicht jedes Jahr realisieren. Ein weiteres politisches Signal, dass das BMVEL das Thema Biologische Vielfalt / Genetische Ressourcen hoch hält, ist aber auch nicht nötig. Unsere Aktivitäten und die des Informationszentrums Biologische Vielfalt (IBV) der ZADI belegen das.

Jüngstes Beispiel für unsere Aktivitäten ist die Veröffentlichung des Nationalen Fachprogramms „Tiergenetische Ressourcen“, das ein großes Spektrum dringend notwendiger Maßnahmen beschreibt. Wie auch bei den anderen sektoralen Fachprogrammen unterstützt das BMVEL die Umsetzung, wo es nur geht. Ich darf Sie auch schon mal darauf hinweisen, dass wir vor dem Abschluss eines ebenfalls sehr umfassenden und fachlich gelungenen Fachprogramms zu den aquatischen genetischen Ressourcen stehen.

Im nächsten Jahr wollen wir zudem die Möglichkeiten der aktivierenden und koordinierenden Aufgabe des BMVEL stärken, indem wir unsere Fördermaßnahmen für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen verstärken. Dies soll vorrangig durch die Förderung von Modellvorhaben und von Erhebungen geschehen. Damit sollen auch Lücken im Wissen über genetische Vielfalt in diesem Land geschlossen und neue Wege erprobt werden.

Sehr stolz sind wir auch auf die Einrichtung des Beirates für Genetische Ressourcen des BMVEL. Der Beirat soll das BMVEL in interdisziplinären und übergeordneten

¹ Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL)
Ref. 225
Rochusstr. 1
53123 Bonn

Fragen der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen beraten. Wir werden morgen - auch hier bei der FAL - die 3. Sitzung dieses Beirates durchführen. Ich freue mich, dass der Beirat das heutige Symposium unterstützt und bereits einige Beiratsmitglieder unter uns sind. Damit haben wir dann doch noch das gewünschte politische Signal.

Das heutige Programm ist aber eher ein technisches. Der Teilnehmerkreis belegt das auch. Für den Beirat ist das Thema des Symposiums aber besonders interessant, weil in diesem Gremium zur Zeit eine intensive Diskussion über den Forschungsbedarf im Bereich Biologische Vielfalt im Hinblick auf die Bewertung genetischer Vielfalt und Ableitung von Maßnahmen zu ihrem Schutz geführt wird. Es ist eine sehr grundsätzliche Diskussion, die möglicherweise zu neuen Ansätzen der Biodiversitätsforschung führen wird.

Man sollte meinen, dass nach so vielen Jahren der Biodiversitätsforschung eigentlich alle Facetten durchleuchtet sind. Das ist leider bei weitem nicht der Fall. Zum Teil liegt das sicher daran, dass Biodiversität eben wirklich divers ist und sich in ihrer Gesamtheit schlecht fassen lässt. Zum Teil aber auch daran, dass das Methodenspektrum sich weiterentwickelt und sich permanent neue Möglichkeiten auftun. Ganz sicher gilt das für die molekularbiologischen Methoden. Das Potenzial dieser Methoden wird in seiner Bedeutung und Tragweite gerade erst erkennbar. Dabei berühren sich plötzlich Bereiche, die man vorher kaum in Verbindung gebracht hätte, z. B. Naturschutz und Genomforschung.

Die Genomforschung benötigt die „Biodiversität“ um Funktionen des Genoms zu erklären, der Naturschutz hingegen profitiert von einer detaillierten Beschreibung von Organismen auf Genomebene. Erhaltungsstrategien, die bisher nur am Phänotyp orientiert waren, können jetzt völlig neu ausgerichtet und optimiert werden. In diesem Zusammenhang sind die neuen Methoden wirklich hilfreich. In der häufig pauschal geführten Debatte um die Gentechnik sollte das nicht vergessen werden.

Die neuen Möglichkeiten führen uns allerdings z. T. schmerzhaft vor Augen, wie wenig wir eigentlich wissen und auf welcher schwachen Grundlage manche Entscheidung getroffen wird. Entscheidungen, die häufig langfristige Auswirkungen haben und z. T. unwiderruflich sind. Ein gutes Beispiel dafür ist die Einlagerung von pflanzen genetischen Ressourcen in *Ex-situ*-Sammlungen, sprich Genbanken. Aufgrund begrenzter Lagerkapazitäten und finanzieller Mittel muss eine Materialauswahl erfolgen, die vielleicht zu einem späteren Zeitpunkt unter ganz anderen Gesichtspunkten gesehen wird. Auch können Brauchbarkeit und Zuverlässigkeit von Erhaltungsmethoden oft erst nach sehr langen Zeiträumen wirklich beurteilt werden. Es besteht also ein großes Interesse daran, eine möglichst genaue Bewertung genetischer Vielfalt vornehmen zu können und Veränderungen des eingelagerten Materials während Lagerung und Vermehrung zu erkennen.

Die Schwächen einzelner Erhaltungssysteme haben dazu geführt, über eine Kombination verschiedener Modelle nachzudenken. Es herrscht mittlerweile Konsens, dass sich komplementäre Ansätze wie z.B. die Verknüpfung von *Ex-situ*- und *In-situ*-

Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen sinnvoll ergänzen. Bei der Realisierung dieser Dinge stehen wir in Deutschland im Vergleich zu anderen Ländern, wie z.B. der Türkei, allerdings relativ am Anfang. Zwar gibt es gute konzeptionelle Vorarbeiten, jedoch müssen diese weiter konkretisiert und in der Praxis überprüft werden.

Relativ am Anfang stehen wir auch beim Genetischen Monitoring, d. h. der langfristigen Beobachtung der Entwicklung der genetischen Vielfalt im Zeitverlauf. Auch hierfür gibt es in Deutschland gute konzeptionelle Ansätze, z. B. im Bereich forstlicher Genressourcen oder bei den landwirtschaftlichen Nutztieren, zu denen wir heute ja auch etwas hören werden. Auch hier sind eine fundierte Analyse und Bewertung genetischer Vielfalt Voraussetzung für den Erfolg.

Wir brauchen diese Planungsinstrumente auch, um die aktuelle Agrarreform zu begleiten. Derzeit lässt sich kaum abschätzen, wie sich die beschlossenen Maßnahmen auf die Agrobiodiversität auswirken werden. Daher müssen Fehlentwicklungen bzw. unerwünschte Nebenwirkungen von Maßnahmen möglichst schnell aufgezeigt und eine Umsteuerung vorgenommen werden. Ganz sicher sollten von Anfang an die Möglichkeiten genutzt werden, die richtigen Instrumente zum Schutz und zur Förderung der Agrobiodiversität zu etablieren.

Ich denke dabei insbesondere an die Verordnung des Rates über die Förderung der Entwicklung des ländlichen Raum (ELER), die derzeit in Brüssel verhandelt wird. Der Vorschlag der EU-Kommission enthält keine direkte Maßnahme zur Förderung der Biodiversität, obwohl der Stakeholder-Prozess zur Überprüfung der Biodiversitätsaktionspläne der EU dringende Empfehlungen enthält gerade dieses Instrument adäquat dafür zu nutzen.

Ein Grund, warum Maßnahmen zur Erhaltung der Agrobiodiversität eine so schlechte Akzeptanz haben, ist, dass es häufig schwer fällt, konkret zu benennen, was eigentlich erhalten bzw. genutzt werden soll und wie das geschehen soll. Dies ist natürlich auch vor dem Hintergrund zu sehen, dass Maßnahmen kontrollierbar sein müssen, um Missbrauch zu verhindern. Um an diesem Punkt zu einer Verbesserung zu gelangen, sind bessere Methoden zur Analyse und Bewertung von Biodiversität dringend erforderlich. Je besser wir begründen können, warum etwas erhalten werden und je besser wir geeignete Maßnahmen dafür beschreiben können, desto eher wird unser Anliegen akzeptiert werden. Das heutige Symposium ist daher ein Schritt in die richtige Richtung und das IBV hat wie in den vergangenen Jahren ein aktuelles und wichtiges Thema ausgewählt.

Sehr geehrte Damen und Herren,

das heutige Programm ist umfangreich und der Zeitplan eng. Ich möchte es daher mit diesen Worten bewenden lassen. Ich wünsche Ihnen und mir, dass das Symposium

- uns neue Möglichkeiten zur Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt aufzeigt,

- uns einen realistischen Einblick gewährt, wo methodische Grenzen liegen
- und uns in unserer täglichen Arbeit weiterhilft.

Ich möchte nicht versäumen dem IBV für die Vorbereitung und Durchführung des Symposiums zu danken. Wie in jedem Jahr haben sich alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des IBV dabei sehr engagiert.

Das gleiche gilt im Prinzip für die Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft, die das IBV bei diesem Symposium stark unterstützt. Ein besonderer Dank dafür, dass wir heute in Mariensee sein dürfen und dass das Institut für Tierzucht ein so ausgezeichnetes Gastgeber ist.

Dem Symposium wünsche ich ein gutes Gelingen und danke für Ihre Aufmerksamkeit.

Zusammenfassende Diskussion und Schlussfolgerungen des Beirats für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim BMVEL

Recapitulatory discussion and conclusions of the „Beirat für Biodiversität und genetische Ressourcen“ at the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL)

HANS-ROLF GREGORIUS¹, BARBARA HARLIZIUS² und JAN ENGELS³

Ausgangslage

Genetische Vielfalt ist die natürliche Voraussetzung für Anpassung an räumlich und zeitlich wechselnde Anforderungen der Umwelt. Es ist nicht zuletzt dieser Wechsel in den Anforderungen, der in evolutionären Zeiträumen eine kaum zu ermessende Vielfalt von Eigenschaften hervorbrachte, deren adaptive Bedeutung uns meist verschlossen bleibt, die aber die Grundlage für die Nutzung durch den Menschen bilden. Die Verfolgung von Züchtungszielen, welche gerade bei der Selektionszüchtung unter starker Einengung des genetischen Spektrums des Ausgangsmaterials und unter entsprechender Kontrolle der Umwelt-, Anbau- bzw. Haltungsbedingungen zu erreichen sind, richtet sich also letztlich gegen ihre eigene Grundlage der Vielfalt. Sie tut dies in der vom Menschen genutzten Landschaft umso mehr, je großflächiger ein vollständiger Ersatz des ursprünglichen Wildmaterials (Wildpopulationen) durch Züchtungsprodukte stattfindet. Auf diese Weise werden sowohl das genetische Potenzial für den weiteren Züchtungsfortschritt erheblich geschmälert als auch die Regulationsmöglichkeiten und Interaktionen mit den entsprechenden Umwelt-, Anbau- und Haltungsbedingungen erschwert. Vor allem aus dieser Entwicklung erklärt sich die elementare Bedeutung, welche inzwischen dem Schutz und der Entwicklung genetischer Ressourcen zugemessen wird.

Nutzpflanzen-, Forstpflanzen-, Nutztier- und Fischzüchtung sind auf unterschiedliche Weise von der Einengung der genetischen Vielfalt betroffen. Dies liegt nicht zuletzt in den Unterschieden der verwendeten Züchtungsmethoden und der Reproduktions-

¹ Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Universität Göttingen
Büsgenweg 2
37077 Göttingen

² Oberheiden 5e
53804 Much

³ International Plant Genetic Resources Institut (IPGRI)
Headquarters
via dei Tre Denari 472/a
I-00057 Maccarese (Fiumicino), Roma (Italia)

Die Autoren bedanken sich bei den Vorsitzenden der Fachbeiräte und dem Sekretariat des Beirats für deren konstruktive Unterstützung bei der Erstellung dieser Zusammenfassung.

biologie der Organismen begründet. So arbeitet z.B. der Nutzpflanzenanbau zu weiten Teilen mit Sorten⁴, die den Kriterien der Unterscheidbarkeit zwischen Sorten, der Homogenität innerhalb der Sorte, deren Beständigkeit und der Neuheit entsprechen, und damit kaum noch mit natürlichen, sich selbst regenerierenden heterogenen Populationen, wie dies in der Forst- und Fischereiwirtschaft noch weitgehend der Fall ist. Die Nutztierhaltung nimmt hier mit der Züchtung von Rassen⁵ eher eine intermediäre Stellung ein. Sie hat allerdings in deutlich höherem Umfang als in den anderen drei Bereichen ihr Ausgangsmaterial (wild lebende Arten) vollständig durch Züchtungsprodukte ersetzt. Diese Situation beschränkt die Möglichkeiten der Erhaltung und Entwicklung tiergenetischer Ressourcen im Wesentlichen auf die sich in der Haltung befindlichen Populationen. Im Bereich der Forstpflanzen- und Fischzüchtung, sowie in beschränkterem Umfang auch der Nutzpflanzenzüchtung, ist dagegen ein Rückgriff auf genetische Variation in verwandten, heimischen, züchterisch weitgehend unbearbeiteten Wildarten noch möglich.

Aktuelle Problemstellungen zur Analyse und Charakterisierung genetischer Vielfalt

Die derart entstandenen unterschiedlichen Ausgangslagen sind von entsprechend unterschiedlichen aber auch ähnlichen Methoden zur Charakterisierung genetischer Ressourcen und daraus ableitbarer Maßnahmen zu ihrem Schutz und ihrer Entwicklung begleitet. Zentraler Gegenstand der Überprüfung der Ausgangsformen ist die Messung genetischer Variation. Sie besteht vor allem in der Anwendung deskriptiver und induktiver Methoden der Statistik auf genetische Marker, wesentlich genetisch bestimmte phänotypische Merkmale und indirekte Kenngrößen genetischer Variation. Unter den genetischen Merkmalen können grundsätzlich zwei an ihrem Verwendungszweck ausgerichtete Kategorien unterschieden werden: (i) Merkmale, von welchen angenommen wird, dass sie einzeln oder in Kombination als Indikatoren von gesamtgenetischer Variation bedeutsam sind, und (ii) Merkmale, welche eher spezifischen Funktionen zugeordnet werden können.

Besonders in Abhängigkeit von den Reproduktionsbedingungen einer Ressource kann es wichtig sein, unterschiedliche Integrationsebenen genetischer Information in die Variationsmessung aufzunehmen. So ist z.B. eine fremdbefruchtende Art vor allem durch die Gene charakterisiert, welche im Rekombinations- und Paarungsprozess immer wieder erneut zu Genotypen zusammengestellt werden. Gen- bzw. Allelerhaltung wären hier das Ziel der dynamischen Sicherung einer genetischen

⁴ Der Begriff „Sorte“ ist juristisch im Sortenschutzgesetz (SortG) in der Neufassung der Bekanntmachung vom 19. Dezember 1997 (BGBl. I S. 3164), zuletzt geändert durch Artikel 148 der Verordnung vom 25. November 2003 (BGBl. I S. 2304) definiert.

⁵ Der Begriff Rasse ist historisch gewachsen und nicht wie der Begriff „Sorte“ juristisch definiert. Er bezieht sich auf eine von einer Züchtervereinigung im Rahmen eines Zuchtprogramms geführte Nutztierpopulation, welches das Zuchtziel und den Rassestandard definiert. Geografisch, morphologisch oder anderweitig ähnliche Populationen können zu einer Rasse zusammengefasst werden.

Ressource, und entsprechend wären "Genmarker" und Maße "genischer" Variation von Bedeutung. Kernkodierte genetische Marker sollten daher möglichst kodominant sein. Dagegen wird vor allem in Verbindung mit dauerhaft statisch zu erhaltenden Genressourcen genetische Variation durch die spezifische Integration von Genen in Genotypen bestimmt. Genetische Marker und Maße genetischer Variation müssen folglich auf der Ebene von Genotypen operieren. Extranukleare genetische Marker, wie sie in Mitochondrien oder Plastiden vorliegen, werden aufgrund der weitgehenden Abwesenheit von Rekombination allgemein durch Haplotypen charakterisiert. Die Messung ihrer Variation ist methodisch ähnlich der von Allelen eines Genlocus und von Genotypen.

Die bevorzugten genetischen Marker sind Genmarker, da sich nahezu alle Untersuchungen an den Genbeständen (Genpools) der Populationen orientieren und da die Verwendung von Genmarkern die mit Dominanzeffekten verbundenen Schwierigkeiten der modellgestützten Schätzung von Genhäufigkeiten umgeht. Entsprechend finden Maße zur Differenzierung von Genbeständen Anwendung. Dem Anspruch, mit vergleichsweise wenigen Genmarkern gesamtgenetische Unterschiede zwischen Populationen einschätzen zu können, versucht man durch die Bevorzugung vermutlich selektionsneutraler genetischer Merkmale gerecht zu werden. Von diesen wird angenommen, dass sie eher die gesamtgenetische Variation im Sinne einer Zufallsstichprobe aus der Grundgesamtheit der genetischen Merkmale repräsentieren.

Allerdings wird auch bei dieser Auswahl genetischer Merkmale die "alleinige Verwendung von molekulargenetischen Markern" als "nicht ausreichend" erachtet (Distl). Diese zurückhaltende Wertung findet weitere Stützung in der Beobachtung, dass bei vielen Waldbaumarten nur geringe Differenzierung zwischen Populationen für eine große Zahl von genetischen Markern vorliegt, während quantitativ genetische Untersuchungen an stark genetisch kontrollierten phänotypischen Merkmalen deutliche Differenzierungen vor allem für unmittelbar adaptive Merkmale zeigen (Degen). Welche Rolle hierbei Marker für die Regulation von Genaktivitäten spielen könnten, ist weitgehend unbekannt. Der Einsatz dieses Typs von genetischem Marker im Umgang mit genetischen Ressourcen scheint noch weit von der Praxisreife entfernt zu sein.

Die Integrität einer genetischen Ressource ist besonders durch ihre Identität und Regenerationsfähigkeit gekennzeichnet. Letzteres trifft auch auf die in Genbanken statisch konservierten Ressourcen zu. Die Identitätssicherung erfordert unter anderem Prüfungen der Abstammung bzw. der Kontamination durch außenbürtige genetische Information. In beiden Fällen ist man auf Vergleiche der Ressource mit genetisch unterschiedlichen potenziellen Ursprüngen angewiesen. Die Art des genetischen Markers ist hierfür weniger bedeutsam, wenn er nur hinreichend hohe Variation zeigt, möglichst kodominant ist und zwischen den potenziellen Ursprüngen deutlich variiert. Abstammungsprüfungen können recht unterschiedliche Ziele verfolgen, wie sie etwa durch die Bestimmung im Wesentlichen abgeleiteter Sorten (Korzun) oder die Charakterisierung von Fischpopulationen (Kohlmann) gekennzeichnet sind. Selbst Prüfungen auf Pollenkontamination während der Re-

generationsphase von ansonsten statisch konservierten Akzessionen bauen auf ähnlichen Analyseprinzipien auf, indem sie die Entdeckung und den Ursprung einzelner genetischer Varianten verfolgen, welche nicht dem Zielkollektiv angehören (Börner *et al.*).

Dauerbeobachtungen im Sinne eines genetischen Monitoring werden als ein wichtiger Beitrag zur Sicherung genetischer Ressourcen betrachtet. Sie sollten sowohl die verschiedenen Nutzungsformen repräsentativ erfassen als auch verschiedene Referenzflächen einbeziehen, welche weitgehend frei von direkter Nutzung sind bzw. der Erhaltung dienen. Dies ist erforderlich, um die mit den Nutzungsformen und Erhaltungsmaßnahmen verbundenen Erwartungen für die Dynamik genetischer Strukturen auf ihre Haltbarkeit zu überprüfen (z.B. die Wirkung verschiedener effektiver Populationsgrößen betreffend), und um auf dieser Grundlage eine ständige Anpassung der Strategien und Methoden zur Sicherung genetischer Vielfalt zu ermöglichen (Maurer, Frese).

Bewertung genetischer Vielfalt

Das Problem der Bewertung genetischer Vielfalt ist wohl nur in Verbindung mit spezifischen Zielsetzungen zweckmäßig zu behandeln. So kann genetische Vielfalt ein Wert an sich sein, der sich lediglich am Ausmaß genetischer Vielfalt ausrichten könnte. Allerdings ist bei einer solchen Ausrichtung zu bedenken, dass die genetisch weniger vielfältige von zwei Populationen genetische Eigenschaften besitzen kann, welche sich in der vielfältigeren Population nicht wiederfinden. Aus diesem Grunde ist immer neben der Vielfältigkeit innerhalb einzelner Populationen auch die Vielfalt zwischen ihnen zu berücksichtigen (Differenzierungsmuster). Andere Zielsetzungen lassen sich wiederum mit Anpassungsanforderungen verbinden. In diesem Zusammenhang kann hohe genetische Vielfalt sogar zu einer Minderbewertung führen, wenn sie sich als eine erhebliche Belastung für spezifische Anpassungsvorgänge herausstellt. Belastungen dieser Art haben meist ihren Ursprung in überhöhtem Genfluss zwischen adaptiv stark differenzierten Populationen. Da andererseits die Erhaltung der Anpassungsfähigkeit nicht ohne jeweilig aktuell wirksame genetische Last bewerkstelligt werden kann, muss eine adaptive Bewertung wesentlich die Balance zwischen Angepasstheit und Anpassungsfähigkeit definieren können.

Die Kriterien zur Bewertung genetischer Vielfalt als Entscheidungshilfe für Erhaltungsmaßnahmen wurden im Rahmen des Symposiums nur ansatzweise bearbeitet. Im Wesentlichen bildet derzeit zwar der Gefährdungsgrad an sich eine Grundlage für die Entscheidung zur Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen, das hierfür erforderliche Monitoring der Entwicklung von Beständen gefährdeter Populationen ist aber offenbar z.T. nur unzureichend organisiert und abgesichert, so dass eine wichtige Voraussetzung zur Ermittlung des Gefährdungsstatus nicht im erforderlichen Umfang gegeben ist.

Im Nutztierbereich gilt momentan die Ermittlung der effektiven Populationsgröße als Maßstab für den Gefährdungsstatus einer Population. Hier muss jedoch deutlich gemacht werden, dass weitergehende und spezifischere Berechnungsmodi für die Berechnung der effektiven Populationsgröße etabliert werden müssen, um eine qualitativ ausreichend zutreffende Aussage zum Status einer Population auf dieser Basis treffen zu können. Die Aufteilung genetischer Variation zwischen und innerhalb von Populationen (ihr Differenzierungsmuster) sollte dann ein weiteres wichtiges Kriterium für Entscheidungen über Erhaltungsmaßnahmen genetischer Ressourcen bilden. So wird eine Entscheidung zugunsten der Erhaltung einer bestimmten Population umso einfacher, je besser sie die genetische Variation der anderen Populationen repräsentiert. Im Falle der Existenz mehrerer kleiner und genetisch einander ähnlicher Populationen wird z.B. im Nutzpflanzenbereich die Bildung evolutionärer Ramschen (Frese) oder im Nutztierbereich die Zusammenführung einzelner Rassen (Schertler) erwogen. Bei Etablierung hinreichend hoher effektiver Populationsgrößen wird dann eine bessere Sicherung der in allen Populationen vorhanden genetischen Variation erwartet.

Populationen gleicher effektiver Größe können sich natürlich aufgrund unterschiedlicher Ausgangssituationen und Drifteffekte genetisch deutlich unterscheiden. Selbst wenn die durchschnittliche genealogische Verwandtschaft zweier Populationen als indirekte Kenngröße des Vergleichs zwischen Populationen herangezogen würde, könnten Drifteffekte immer noch merklich zur genetischen Differenzierung beitragen. Außerdem sind Schätzungen von Verwandtschaftsbeziehungen häufig selbst wieder auf die Verwendung genetischer Marker angewiesen. Aus diesem Grunde ist die Verwendung von genetischen Markern anstelle indirekter Kenngrößen meist unumgänglich, wie sich in allen mit genetischer Differenzierung befassten Beiträgen des Symposiums zeigt.

Weiterführende Gedanken zu einem möglichst effektiven Einsatz der begrenzten Mittel, die den drohenden Variationsverlust minimiert, sind offenbar noch gar nicht in die Praxis eingegangen und sollten ein aktives Forschungsfeld für die Zukunft sein.

Eignung der Methoden

Zwar werden immer wieder die sich aus der ständig fortschreitenden Entwicklung molekulargenetischer Methoden ergebenden neuen Chancen für die Analyse genetischer Variation hervorgehoben. Es scheint jedoch gelegentlich, dass die Auswertung dieser Chancen noch gewisse Schwierigkeiten bereitet. Einerseits können diese Schwierigkeiten in der Bewertung der Eignung genetischer Marker als Indikatoren gesamtgenetischer oder funktionsspezifischer genetischer Variation gesehen werden. Andererseits scheint aber auch die konzeptionelle Grundlegung und damit Interpretierbarkeit der verfügbaren statistischen Methoden zur Messung und Analyse genetischer Variation Anlass andauernder Zweifel zu sein. Die Anwendung, Kritik und Entwicklung statistischer Methoden der Charakterisierung genetischer Variation ist gegenwärtig möglicherweise unverhältnismäßig hinter der Entwicklung molekulargenetischer Methoden zurückgeblieben.

Hinweise dafür ergeben sich in vielfacher Hinsicht. So trifft man selten auf Versuche, aus dem Vergleich der für verschiedene genetische Marker gewonnenen Ergebnisse weitere Einsichten zu gewinnen. Der Normalfall scheint immer noch die summarische Betrachtung von Variation etwa in Form der Mittelwertbildung über mehrere genetische Marker zu sein. Aus den Einzelvergleichen der genetischen Marker können jedoch unter Umständen mehr Erkenntnisse über ihre Bedeutung als Indikator gesamtgenetischer oder funktionsspezifischer genetischer Variation gewonnen werden. Die Möglichkeit, dass eine Rangierung von Populationen nach ihrer genetischen Diversität für verschiedene Marker unterschiedlich ausfällt, spielt hierbei eine wichtige Rolle. Die Nutzung mehrerer Maße genetischer Variation in der Datenauswertung kann überdies die unterschiedlichen Aspekte dieser Variation deutlicher werden lassen. Voraussetzung hierfür ist natürlich, dass die kennzeichnenden Eigenschaften der Maße expliziter Bestandteil der Auswertung sind. Ähnliche Möglichkeiten bestehen in der Verwendung unterschiedlicher effektiver Populationsgrößen (neben der Inzucht- z.B. auch die Varianz-, Reproduktions- oder Drifteffekte) zur Eingrenzung des Verlustes genetischer Variation.

Besonders nachdenklich stimmt die recht unterschiedliche Beurteilung der Verteilung genetischer Variation zwischen Waldbaumpopulationen auf der Grundlage molekularer genetischer Merkmale und genetisch kontrollierter phänotypischer Merkmale. Der Aufklärung dieses Widerspruchs muss hohe Bedeutung beigemessen werden, da er die Eignung gebräuchlicher genetischer Marker für eine Einschätzung relevanter (z.B. adaptiver) genetischer Variation stark in Frage stellt. Eine explizite Klassifizierung genetischer Merkmale nach ihren Indikationseigenschaften und die in diesem Sinne konsequent zielführende Anwendung wird mehr Gewicht erhalten müssen. Die bislang verfügbaren Klassifikationsansätze (wie z.B. Selektionsneutralität) scheinen vielfach zu unspezifisch und ungenau, um eine klare problemorientierte Beurteilung vornehmen zu können.

Als ein zentrales Anliegen des genetischen Monitoring kann sich herausstellen, dass sich Dauerbeobachtungen genetischer Indikatoren bedienen müssen, welche nicht nur den jeweiligen Stand der biochemischen bzw. molekularen Techniken berücksichtigen. So wird darauf zu achten sein, ob neue Techniken ihre Vorgänger ersetzen oder nur ergänzen können. Auch die Eignung der direkten und indirekten Kenngrößen genetischer Variation wird Gegenstand der Beobachtung sein müssen. Dauerbeobachtungen können auf diese Weise zugleich der Methodenprüfung und -entwicklung dienen.

Fazit

Die Charakterisierung genetischer Vielfalt ist noch stark im Fluss und in der Entwicklung. Die Abwägung zwischen selektionsneutralen genetischen Markern und funktionellen Allelen ist noch weitgehend unklar. Bewertungskriterien orientieren sich derzeit im Wesentlichen am Ausmaß der Bedrohung bzw. an den Kosten und lokal gegebenen Möglichkeiten zur Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen. Allerdings

sind die Voraussetzungen zur Ermittlung des Gefährdungsstatus über ein entsprechendes Monitoring in allen Bereichen nicht oder nur unzureichend gegeben. Lediglich im Nutztierbereich wird als Maß für den Gefährdungsstatus die effektive Populationsgröße angewandt, die jedoch keine Bewertung der Diversität zwischen den Populationen zulässt. Es besteht daher aktuell akuter Forschungsbedarf zur Entwicklung geeigneter statistischer Methoden zur Messung der genetischen Vielfalt, zur problemorientierten Klassifikation und gegebenenfalls Neuentwicklung genetischer Marker sowie zur Ableitung von Bewertungskriterien in Abhängigkeit von der Zielsetzung von Erhaltungsmaßnahmen.

Identifizierung genetischer Vielfalt als Voraussetzung einer effizienten Erhaltung der Ressourcen in Genbanken

Identification of genetic diversity as precondition of efficient preservation in genebanks

Klaus J. Dehmer¹

Zusammenfassung

Die Identifizierung genetischer Vielfalt kann auf verschiedene Weisen erfolgen, angefangen von einer morphologisch/taxonomischen Beschreibung über eine agronomische bzw. geographische Analyse bis zu einer molekularen Identifizierung. An Hand von Beispielen aus den Gattungen *Amaranthus*, *Hordeum*, *Lactuca*, *Lolium*, *Malus*, *Poa* und *Solanum* wird dargestellt, dass die Ziele in jedem Fall ein effizientes Management von Genbank-Sammlungen sowie die Erhaltung einer möglichst großen Diversität der betreffenden pflanzen genetischen Ressourcen sind.

Summary

*The identification of genetic diversity can be achieved via different methods like morphological, taxonomic, agronomic, geographical and molecular analyses. Based on examples from the genera *Amaranthus*, *Hordeum*, *Lactuca*, *Lolium*, *Malus*, *Poa* and *Solanum* it is demonstrated that an efficient management of genebank collections and the preservation of as much diversity as possible are always aimed.*

Einführung

Das gestiegene öffentliche Bewusstsein bezüglich einer möglichst umfassenden Erhaltung von (pflanzen-)genetischen Ressourcen resultierte in den letzten Jahren unter anderem in der Etablierung neuer bzw. der Vergrößerung bestehender Sammlungen. Um neben der einfach erfassbaren Quantität solcher Kollektionen auch Aussagen zu deren Qualität machen zu können, sind Methoden zur Identifizierung genetischer Vielfalt als wichtigstem Qualitätsmerkmal von besonderer Wichtigkeit. Im Folgenden werden verschiedene Vorgehensweisen – morphologisch, taxonomisch, agronomisch, geographisch bzw. molekular – an einigen Fallbeispielen dargestellt und ein Ausblick auf zukünftige Entwicklungen vor allem bei der Genomforschung gegeben.

¹ Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)
Abteilung Genbank
Parkweg 3a
18190 Groß Lüsewitz

morphologische/taxonomische Identifizierung

Als Beispiel für eine morphotyp-basierte Taxonomie, die hier sogar eine sehr weitgehende Untergliederung erlaubt, kann die Gattung *Amaranthus* angeführt werden. Oftmals genügt die Architektur der Infloreszenzen, um z.B. die vier Unterarten/Varietäten/Formen *A. caudatus* L. ssp. *caudatus* (mit var. *alopecurus* Moq. in DC. und var. *caudatus* f. *albiflorus* (Moq.) Hanelt) sowie *A. caudatus* ssp. *mantegazzianus* (Passer.) Hanelt voneinander zu differenzieren.

In anderen Fällen, z.B. bei der Differenzierung von Arten innerhalb des *Solanum nigrum* L.-Komplexes, liefert die Morphologie keine klaren Ergebnisse, da die Merkmale nicht mehr ausreichend sind bzw. überlappen. Hier kann mit Hilfe der Molekulartaxonomie eine Zuordnung der Gaterslebener Akzessionen zu in diesem Beispiel fünf Arten vorgenommen werden; dabei zeigte sich, dass in einigen Fällen eine Korrektur der morphologischen Artbestimmung notwendig war (DEHMER 2001, DEHMER & HAMMER 2004).

agronomische Identifizierung

Die Erfassung agronomisch relevanter Merkmale – bei dem Futtergras *Poa pratensis* L. z.B. der Zeitpunkt des Rispschiebens, der Befall mit Braunrost u.ä. – kann ebenfalls zu einer hier phänotyp-basierten Einordnung des Materials einer Art verwendet werden. Bei Untersuchungen an etwa 4 x 400 europäischen Ökotypen (vier Evaluierungsstandorte) ergab die Gesamtheit der 27 erfassten Merkmale klare Gruppierung nach Herkunftsregion, es fanden sich je eine süd-, eine zentral- sowie eine nordeuropäische Gruppe (ANDREEVA *et al.*, 2003). Allerdings wurden hier auch die Limitierungen dieser Vorgehensweise sichtbar – nur Daten zu Material, das am selben Standort von der selben Person bonitiert wurde, konnten miteinander verrechnet werden; eine Gesamtauswertung für alle 1600 Akzessionen war nicht möglich.

Die Bonitur, die Auflistung und der Vergleich von agronomischen Eigenschaften in Form von beschreibenden Sortenlisten kann neben der Differenzierung von Sorten auch interessante Aufschlüsse über den Züchtungsfortschritt bei Kulturarten bringen – bei *Hordeum vulgare* L. zeigte sich beispielsweise von 1972 bis 2000 sowohl bei Winter- als auch bei Sommergerste ein deutlicher Anstieg des Resistenzniveaus gegen Krankheiten wie Mehltau und Zwergrost.

Dass eine Beschreibung von Pflanzenmaterial durch Sortennamen als (agronomische) Identifizierungshilfe nicht immer zutreffend ist, zeigt eine Fallstudie beim Salat, *Lactuca sativa* L. – theoretisch sollte Material (auch unterschiedlicher Herkunft) mit dem selben Sortennamen auch identische/bei sog. Schirmsorten oder verbesserungsgezüchteten Sorten weitgehend übereinstimmende Genotypen beinhalten. Insgesamt 83 Akzessionen (30 aus der Sammlung der IPK-Genbank sowie 53 potenzielle Neuzugänge von verschiedenen Donoren), die dem Namen nach 34 Salatsorten zugehörig waren (zwei bis vier untersuchte Akzessionen pro Sorte), wurden mit Hilfe von zwei AP-PCR sowie drei ISSR-Reaktionen untersucht.

Die Annahme der (weitgehenden) genotypischen Identität bei identischem Sortennamen traf lediglich bei 18 Sorten zu (Tabelle 1).

Tab. 1: Gruppierung von Salate-Akzessionen nach molekularem Maß an Übereinstimmung bzw. Unterschieden zwischen den Herkünften der einzelnen Sorten; = Identität der entsprechenden Akzessionsnummern (hier Feldnr. '97); ⇔ Unterschiede zwischen den betreffenden Akzessionen der jeweiligen Sorte; * Akzession aus der IPK-Genbank.

*Tab. 1: Classification of salad accessions according to molecular measurements of conformity and/or differences between the origins of the respective varieties; = identity of the accessions (accessions numbers, i.e. "Feldnr. '97"); ⇔ Differences between the accessions of the respective variety; *accession from the IPK genebank.*

komplette Übereinstimmung	große Übereinstimmung	gewisse Unterschiede	deutliche Unterschiede
zwischen den aufgeführten Akzessionen der jeweiligen Einzelsorten			
'Calmar' 351*=352	'Doree de Printemps' 270*=284⇔285	'Grand Rapids' 252*⇔253	'Appia' 002⇔003*
'Canasta' 303=306*	'Grazer Krauthäuptel' 292⇔293=294*	'Lollo Bionda' 177⇔182*	'Cazard' 029⇔030
'Capitan' 116*=117	'Hilds Spz.zcht St. 1131/1311' 041⇔042*	'Red Salad Bowl' 233⇔242*	'Great Lakes 118' 323=346⇔324*=347
'Great Lakes 659' 325=355=356	'Lollo' 175*=180⇔179*	'Sucrine' 413=414*=439*⇔438	'Hilds Merkur' 036⇔037*
'Imperial 101' 273=274	'Lollo Rossa Assor' 184⇔185*	'Verna' 153*⇔154	'Laibacher Eis 2' 287⇔288*
'Laibacher Eis 4' 290=291*	'Mona' 149⇔150		'Oakleaf' 247⇔248
'Lollo Rossa' 202=203=204	'Reskia' 097*⇔098		'Pirat' 166⇔167
'Mariska' 073=074	'Valmaine' 415=451=452*⇔416*		'Pa(r)ris Iceland/Island Cos' 412*=434⇔435*
'Mondian' 125=126*	'Verpia' 007⇔008*		'Patty' 066=158*⇔157*
			'Salad Bowl' 229⇔230
			'Saladin' 329⇔369⇔354*=389

Gewisse Unterschiede waren bei fünf Sorten zu beobachten, während bei mehr als einem Drittel der analysierten Sorten (11) deutliche Abweichungen im Bandenmuster

auftraten; hier lag also definitiv unterschiedliches Material vor (Extrembeispiel: ‚Aladin‘ mit drei Genotypen bei vier untersuchten Akzessionen). Für diesen Sachverhalt könnten Probleme bei der Reinerhaltung des Materials während des Reproduktionsanbaus (z.B. durch Fremdeinstäubung durch Insektenflug) oder Vermischungen/Verwechslungen bei der Saatgutaufbereitung mögliche Erklärungen sein – dieses sowohl vor Aufnahme in die Genbank als auch danach. Ein (momentan noch zu kostspieliges) Sammlungs-Management an Hand von molekularen Fingerabdrücken aller erhaltenen Akzessionen würde hier eine konsequente Überprüfung der genetischen Integrität von Genbank-Material gewährleisten und solche Abweichungen verhindern helfen; generell weisen diese Ergebnisse darauf hin, dass der Sortenname und andere Passport-Daten nicht als alleiniges Kriterium bei der Identifizierung von Duplikaten herangezogen werden sollte/kann.

geographische Identifizierung

Die nahe liegende Annahme, dass geographische Nähe bzw. Entfernung Aussagen über die genetische Verwandtschaft von Pflanzenmaterial zulässt, konnte beispielsweise für die Salat-Wildart *Lactuca serriola* L. (Kompass-Lattich) sowohl morpho-physiologisch als auch molekular bestätigt werden. Wildpopulationen, die im Rahmen des EU-geförderten GENE-MINE-Projektes (<http://www.gene-mine.org/>) in Großbritannien, den Niederlanden, Deutschland und Tschechien gesammelt wurden, zeigten bezüglich der meisten erfassten Merkmale (z.B. Blattform, Blühzeitpunkt) in Ost-West-Richtung einen kontinuierlichen Übergang von einer Ausprägung zur anderen mit Extremen in Großbritannien bzw. Tschechien; nur bei wenigen war dies nicht der Fall. Auch innerhalb Deutschlands gab es klare Unterschiede, die wegen der eher rezenten Verbreitung dieser Art nicht unbedingt zu erwarten waren; vor allem hinsichtlich der Blühzeitpunkte gab es hier Abweichungen von mehreren Wochen.

Ein Beispiel, bei dem sich eine geographische Differenzierung morpho-physiologisch nicht nachvollziehen lässt, ist *Malus sieversii* (Ledeb.) Roem., die vermutete Ursprungsart des Kulturapfels: innerhalb verschiedener Wuchsgebiete traten überlappende Merkmale auf, zum Teil waren die Unterschiede innerhalb der Nachkommenschaften größer als zwischen ihnen. Erste molekulare Analysen hingegen (Geibel et al., 2000) reflektierten die geographische Herkunft besser, die Übereinstimmung zwischen Geographie und *M. sieversii*-DNA-Daten war weitgehend.

molekulare Identifizierung

Im Vergleich zu allelspezifischen DNA-Markern, die spezifisch jeweils nur einen bekannten Locus oder wenige bekannte Loci im Genom charakterisieren können (‚single locus‘-Marker) und somit für Diversitätsbestimmungen in größeren Anzahlen analysiert werden müssen, bieten anonyme Marker, bei denen die Funktion der zugrunde liegenden DNA-Sequenzen nicht bekannt ist, schon mit wenigen Analyse-Reaktionen die Option einer umfassenden Materialcharakterisierung. Beispiele hierfür sind genomische Mikrosatelliten (SSRs) oder AFLPs als ‚multi locus‘-

Technologien. So gelang bei den so genannten ‚blauen Kartoffeln‘ (*Solanum tuberosum* L.) aus der Sammlung der Kartoffel-Genbank des IPK eine SSR-basierte Identifizierung von Duplikationsgruppen, die nominell bis zu 13 verschiedenen Sorten enthielten; mit anderen (nicht-molekularen) Methoden konnte dieser Nachweis nicht erbracht werden.

Bei der Gerste konnte anhand von DNA Markern die Entstehung von intraspezifischen Genpools nachgewiesen werden: neben der Differenzierung zwischen Sommer- und Winterformen war eine klare Untergliederung der Wintergerste in zwei- und sechszeilige Typen erkennbar, nur sehr wenige, ‚exotische‘ Typen lagen außerhalb dieser drei Genpools (THIEL *et al.*, 2003).

Die Vorzüge der allelspezifischen DNA-Marker werden hingegen bei anderen Fragestellungen evident. So konnte in der Gattung *Lolium* ein System für eine SNP-basierte Genotypisierung (*SNP: single nucleotide polymorphism*) dieses Fremdbefruchters etabliert werden, an Hand dessen Häufigkeiten von ausgewählten Allelen in Mischproben bestimmt und zur Differenzierung von Akzessionen herangezogen werden können. Zudem kann bei Gerste eine Unterscheidung zweier Resistenzformen gegen die Gelbmosaik-Virose voneinander sowie von anfälligen Genotypen mittlerweile mit nur einer SNP-Nachweisreaktion erfolgen (A. GRANER, pers. Mitt.); angesichts der Vielzahl der marker-charakterisierten Gersten-Resistenzloci ist hier eine Vielzahl entsprechender Nachweissysteme für weitere Resistenzen vorstellbar.

Insgesamt gesehen können vor allem durch molekulare Einzellocus-Analysen beispielsweise gezieltere Untersuchungen von Genbank-Kollektionen bezüglich der Allelzusammensetzung erfolgen; die Phänotypisierung, die ansonsten im Gesamtumfang (oder in zu selektierenden Teilbereichen) der Sammlung erfolgen müsste, braucht auf diese Weise nur in dem Teil der Sammlung vorgenommen werden, der ein gewünschtes Allel besitzt bzw. neue Allele aufweist.

Ausblick

Die Identifizierung genetischer Vielfalt und die darauf basierende, effiziente Erhaltung von Ressourcen wird vor allem mit Hilfe der Genomforschung eine immer größere Rolle in Genbanken spielen. So ist mit einer verstärkten Bildung von Kernsammlungen (*‚core collections‘*) und DNA-Banken zu rechnen, und auch der Einsatz der Bioinformatik wird deutlich zunehmen. Insgesamt trägt die Genomforschung dazu bei, die bisher hauptsächlich phänotyp-basierte Nutzung von genetischen Ressourcen (basierend auf wenigen Merkmalen, welche allerdings einfach zu bestimmen sind) um die genotyp-basierte Nutzung zu ergänzen. Letztere erfasst sehr viele Merkmale mit teilweise hochspezifischer Relevanz; sie bedeutet gleichzeitig aber auch die Durchführung von aufwändigeren Analysen.

Danksagung

Der Autor dankt allen beteiligten Kolleginnen und Kollegen des IPK.

Literatur

- ANDREEVA, K., DEHMER, K.J. & E. WILLNER (2003): Assessment of *Poa* genetic resources for breeding purposes by evaluation of important traits. Czech J. Genet. Plant Breed. 39: 185-187.
- DEHMER, K.J. (2001): Conclusions on the taxonomy of the *Solanum nigrum* complex by molecular analyses of IPK germplasm accessions. In: Van den Berg, R.G., Barendse, G.W.M., van der Weerden, G.M., Mariani, C. (eds.): Solanaceae V: Advances in taxonomy and utilization. Proceedings of the Vth International Solanaceae Conference, July 23-29th 2000, Nijmegen. Nijmegen University Press, 85-96.
- DEHMER, K.J. & K. HAMMER (2004): Taxonomic status and geographic provenance of germplasm accessions in the *Solanum nigrum* L. complex: AFLP data. Genet. Res. Crop Evol. 51: 551-558.
- GEIBEL, M., DEHMER, K.J. & P.L. FORSLINE (2000): Biological diversity in *Malus sieversii* populations from Central Asia. Acta Hort. 538: 43-49.
- THIEL, T., MICHALEK, W., VARSHNEY, R.K. & A. GRANER (2003): Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.) Theor. Appl. Genet. 106: 411-422.

Methodik zur Bestimmung im wesentlichen abgeleiteter Sorten *Identification of essentially derived varieties*

VIKTOR KORZUN¹ und MARTIN HECKENBERGER²

Zusammenfassung

Pflanzenzüchtung war und ist ein zeitaufwendiger und teurer Prozess, an dessen Ende als Produkt eine neue Sorte mit verbesserten Eigenschaften steht. Dieses geistige Eigentum des Züchters kann durch die natürliche Vermehrung der Pflanzen auf einfachem Wege reproduziert werden und bedarf daher des Sortenschutzes. Für die Züchtung selbst ergibt sich mit dem Schutz des Zuchtmaterials ein Konflikt. Auf der einen Seite soll die eigene Entwicklung, die Sorte, einen höchstmöglichen Schutz gegen Missbrauch erhalten, auf der anderen Seite müssen aber zur Gewährleistung des Zuchtfortschritts Gen-Ressourcen frei verfügbar bleiben. Dieser Konflikt ist über das „**Züchterprivileg**“ optimal gelöst worden, so dass gegenwärtig sichergestellt ist, dass geschützte Sorten von jedem anderen Züchter für dessen weitere Neuzüchtung verwendet werden können. Da das Züchterprivileg jedoch auf verschiedene Weise unterlaufen werden kann, z.B. durch Reselektion innerhalb von geschützten Sorten, fortgesetzte Rückkreuzungen zu bereits zugelassenen Sorten oder durch gentechnische Veränderungen geschützter Sorten, wurde von der UPOV 1991 das Konzept der „abgeleiteten Sorten“ (**essentially derived varieties, EDV**) 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;
- (iii) die Sorte weitestgehend genetisch identisch mit der Ausgangssorte ist.

Molekulare Marker finden zurzeit in der praktischen Züchtung eine breite Zustimmung. Ihre Anwendung ist jedoch bestimmten Regeln unterworfen und setzt von Fall zu Fall entsprechende Kenntnisse voraus. Die Perspektive der Nutzung von molekularen Markern, aber auch anderen Merkmalen zur Bestimmung im wesentlichen abgeleiteter Sorten werden dargestellt und diskutiert.

¹ Lochow-Petkus GmbH
Grimsehlstr. 31
37574 Einbeck

² Universität Hohenheim
Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik
Fruwirthstr. 21
70599 Stuttgart

Summary

Legal regulations for plant variety protection (PVP) should secure the reward for past breeding efforts but also sustain future breeding progress. Registered plant varieties need to be protected against plagiarism and misuse on the one hand, but protected germplasm should be accessible for the development of new varieties on the other hand. This is fixed in the concept of “breeder’s exemption” in the original convention of the Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV). The advent of new methods such as genetic engineering and marker-assisted backcrossing, however, has provided the basis to undermine the breeder’s exemption in its original intention. These tools allow to add a few new genes to a protected variety or to select deliberately for lines that are very similar to one of their parents and apply for PVP for this “new” variety. Therefore, the investments made in breeding the original variety can be exploited by the breeder of the plagiarized variety without indemnification for the breeder of the original variety.

The concept of essentially derived varieties (EDVs) was implemented into the revised UPOV convention (UPOV, 1991) and several national PVP acts to cope with this new situation. Accordingly, a variety is deemed to be essentially derived from an initial variety (IV), if it (i) was predominantly derived from the IV, (ii) is clearly distinguishable from the IV, and (iii) is genetically conform to the IV. However, breeding companies have not agreed on specific breeding procedures that are considered to yield independently derived varieties (IDVs) or EDVs (e.g., the number of acceptable backcross generations to a protected variety). In addition, no official guidelines or appropriate methods have been fixed to assess the genetic conformity between IVs and potential EDVs. Hence, crop-specific thresholds for the discrimination between EDVs and IDVs have not yet been defined.

Molecular markers such as simple-sequence repeats (SSRs) or amplified fragment length polymorphisms (AFLPs) allow to determine the parental origin of the chromosomal segments in a progeny. Therefore, genetic distances (GDs) based on molecular markers were proposed as an appropriate tool to determine the genetic conformity between an IV and putative EDVs and, consequently, to distinguish between EDVs and IDVs. By contrast, the use of morphological traits or heterosis is still under debate. The prospect of using molecular Markers for identification of essentially derived varieties are presented and discussed.

Abgeleitete Sorten

Die Züchtung einer neuen Pflanzensorte dauert in der Regel 8-10 Jahre und erfordert monetäre Investitionen in Höhe von 1-2 Mio. € und mehr. Da Pflanzensorten durch Nachbau in der Regel auf einfache Weise reproduziert werden können, bedürfen sie als geistiges Eigentum des jeweiligen Züchters eines besonderen Schutzes, wie er in der UPOV-Konvention (UPOV 1961) oder in nationalen Sortenschutzrichtlinien, wie etwa dem Deutschen Sortenschutzgesetz, verankert ist.

Neben dem bestmöglichen Schutz gegen Plagiat und Missbrauch ist es allerdings unerlässlich, dass auch geschützte Sorten allen Züchtern als Genressource zur Erzeugung einer genetischen Ausgangsvariation bei der Neuzüchtung von Sorten zur Verfügung stehen. Daher wurde das sog. „Züchterprivileg“, das den Hauptunterschied zwischen Sortenschutz und Patentrecht darstellt, 1978 in die UPOV-Konvention (UPOV 1978) implementiert.

Durch konventionelle und neuentwickelte biotechnologische Methoden, wie genetische Transformation von Sorten, fortgesetzte (markergestützte) Rückkreuzung, Selektion von natürlichen oder induzierten Mutanten, Re-Selektion der besten Genotypen innerhalb von bestehenden Sorten oder der Generierung von „kosmetischer“ Variation kann das Züchterprivileg aber gezielt missbraucht werden. Somit ist es möglich, dass der Zuchtfortschritt des Züchters der Ursprungssorte zu wesentlichen Teilen für die Züchtung neuer Sorten ausgenutzt wird, ohne dass dieser dafür zu entschädigen ist. Die revidierte UPOV-Konvention von 1991 (UPOV 1991) bezeichnet derartig entwickelte Sorten als sogenannte „im wesentlichen abgeleitete Sorten“ (essentially derived varieties – EDVs) und impliziert, dass im Falle einer „wesentlichen Ableitung“ der Züchter der Ursprungssorte angemessen zu entschädigen ist.

Eine Sorte ist demnach von einer Ausgangssorte (“initial variety“) im wesentlichen abgeleitet, wenn sie (1) hauptsächlich aus der Ausgangssorte entwickelt wurde (“predominant derivation“), (2) von der Ausgangssorte unterscheidbar sind (“clear distinctness“) und (3) genetisch weitestgehend identisch (“genetic conformity“) mit der Ausgangssorte ist. Dabei müssen alle drei Kriterien erfüllt sein (ASSINSEL 1999), um eine Sorte als EDV einzustufen. Während bereits weitestgehend Einigkeit darüber besteht, dass die Entwicklung aus einer Ausgangssorte durch Offenlegung von Zuchtbüchern (GILLILAND *et al.* 2000) bzw. molekulargenetische Untersuchungen (GILL *et al.* 1995; GRAHAM *et al.* 2000) und die Unterscheidbarkeit durch die bewährten UPOV-Registermerkmale nachzuweisen ist, besteht nach wie vor kein Konsens über die Methoden, die zum Nachweis der genetischen Konformität zweier Sorten anzuwenden sind.

Molekulare Marker, wie “Simple Sequence Repeats“ (SSRs) oder “Amplified Fragment Length Polymorphisms“ (AFLPs) wurden wiederholt zur Identifikation von EDVs vorgeschlagen (ASSINSEL 1999; BERNARDO und KAHLER 2001) (KNAAK *et al.* 1996) (ROLDAN RUIZ *et al.* 2000b) (Smith und Smith 1989), da sie einen direkten Schätzwert für das wahre Verwandtschaftsverhältnis zweier Sorten liefern und auch bereits erfolgreich zur Aufklärung der illegalen Verwendung geschützter Maislinien eingesetzt wurden (MARTIN *et al.* 1991). Neben molekularen Markern wurden aber auch phänotypische Deskriptoren, wie morphologische Merkmale, Kombinationsfähigkeit, oder Heterosis zur Identifikation von abgeleiteten Sorten vorgeschlagen (ASSINSEL 1999), mit der Argumentation, dass phänotypische Merkmale seit Jahren die Grundlage des Sortenschutzes darstellen und somit auch zur Identifikation von EDVs herangezogen werden sollten (SMITH *et al.* 1991).

Zudem besteht in allen bedeutenden Kulturarten (darunter auch alle Getreidearten)

nach wie vor Uneinigkeit über akzeptierte und nicht akzeptierte Zuchtverfahren, die zu unabhängigen bzw. abgeleiteten Sorten führen. Während relativ unstrittig ist, dass die genetische Transformation von geschützten Sorten, sowie Re-Selektion in geschützten Sorten zu EDVs führen, ist insbesondere die Anzahl der erlaubten Rückkreuzungsgenerationen zu einer geschützten Sorte nach wie vor ein Streitpunkt der Züchter und Züchtervereinigungen untereinander. Grenzwerte zur Unterscheidung von unabhängigen und abgeleiteten Sorten wurden deswegen noch nicht festgelegt. Somit ist das Konzept der abgeleiteten Sorten bislang für nahezu alle bedeutenden Kulturarten noch nicht in die Praxis umgesetzt. Bei den Getreidearten (inkl. Mais) ist der wesentliche Grund hierfür, dass bislang kein detaillierter Vergleich aller in Frage kommenden Verfahren stattgefunden hat.

Methodenvergleich

Die bislang einzige uns bekannte Studie, die die Verwendbarkeit von morphologischen Merkmalen oder Heterosis zur Identifikation von abgeleiteten Sorten untersucht hat, wurde im Rahmen eines EU-Projektes („MMEDV“, <http://www.niab.com/bbp/mmedv/>) an Mais durchgeführt (HECKENBERGER *et al.* 2004a). Dabei wurden 58 europäische Maisinzuchtlinien mit unterschiedlichem Verwandtschaftsgrad (F_2 , BC_1 , BC_2) zu ihren Elternlinien mit 25 UPOV-Registermerkmalen in einem mehrjährigen Feldversuch phänotypisch charakterisiert. Darüber hinaus wurde das Ausmaß an Heterosis für 12 agronomische Merkmale von Kreuzungen dieser F_2 -, BC_1 - oder BC_2 -abgeleiteten Linien zu ihren (rekurrenten) Elternlinien geschätzt. Unter der vorläufigen Annahme, dass eine F_2 -abgeleitete Linie eine unabhängige Sorte (IDV) ist, eine BC_1 -abgeleitete Linie jedoch eine EDV, wurden anschließend basierend auf diesen Verteilungen die Fehler 1. Art (α) und Fehler 2. Art (β) berechnet. Dabei stellt α die Wahrscheinlichkeit dar, dass eine IDV fälschlicherweise als EDV identifiziert wird, während β die Wahrscheinlichkeit bestimmt, dass eine abgeleitete Sorte nicht als solche erkannt wird. Ebenso wurden verschiedene Grenzwertszenarien unter der Annahme untersucht, dass eine BC_1 -abgeleitete Linie eine IDV ist, eine BC_2 -abgeleitete Linie jedoch eine EDV.

Trotz teilweise hoher und hochsignifikanter Korrelationen der Heterosiswerte sowie der morphologischen Distanzen zum Abstammungskoeffizienten (f) war hierbei die Trennschärfe von morphologischen Merkmalen zur Unterscheidung von F_2 - vs. BC_1 - oder BC_1 - vs. BC_2 -abgeleiteten Maislinien sehr gering, da die Verteilungen der morphologischen Distanzen bzw. Heterosiswerte zwischen F_2 - und BC_1 - abgeleiteten Nachkommenlinien und ihren Elternlinien sehr stark überlappten. Durch diese starken Überlappungen würden bei der Anwendung von morphologischen Merkmalen bzw. Heterosis bis zu 85% der abgeleiteten Sorten nicht als solche identifiziert. Dies lässt sich bei morphologischen Merkmalen durch das aus der Humangenetik bekannte „Doppelgängerphänomen“ erklären, wonach zwei Individuen, die sich genetisch sehr unähnlich sind, sich trotzdem phänotypisch sehr ähnlich sein können. Diese „Dreiecksbeziehung“ wurde bereits in mehreren Studien bestätigt (DILLMANN *et al.* 1997; EEUWIJK und BARIL 2001; REBOURG *et al.* 1999) und

lässt sich auch biologisch erklären (NUEL *et al.* 2001). Somit schließt die o.a. Studie die alleinige Verwendung von morphologischen Merkmalen zur Identifikation von abgeleiteten Sorten aus. Ebenso ist von der Verwendung von Heterosiswerten abzuraten, da die kausalen Ursachen der Heterosis nach wie vor ungeklärt sind.

Im Gegensatz zu morphologischen Merkmalen und Heterosis wurden genetische Distanzen basierend auf molekularen Markern in verschiedenen Kulturarten mit größerem Erfolg eingesetzt, um Genotypen unterschiedlicher Verwandtschaftsgrade voneinander unterscheiden zu können (EEUWIJK und LAW 2004; HECKENBERGER *et al.* 2004b; HECKENBERGER *et al.* 2005; ROLDAN-RUIZ *et al.* 2000a; ROLDAN RUIZ *et al.* 2000b; VOSMAN *et al.* 2000; WANG und BERNARDO 2000), wobei in den unterschiedlichen Kulturarten jeweils unterschiedliche Szenarien betrachtet und untersucht wurden. Ebenso wurden in den o.a. Studien statistische Rahmenbedingungen erarbeitet, die zur Unterscheidung von unabhängigen und abgeleiteten Sorten zur Verfügung stehen.

So konnten beispielsweise beim Mais mit Hilfe von SSR- oder AFLP-Markern teilweise 85% und mehr der F₂-abgeleiteten Linien korrekt von BC₁-abgeleiteten Linien unterschieden werden. Die maximal erzielbare Trennschärfe, um Sorten unterschiedlicher Verwandtschaft anhand ihrer GD zu (rekurrenten) Eltern voneinander zu unterscheiden, hängt dabei allerdings wesentlich von folgenden Faktoren ab:

- Markerzahl und -dichte,
- Chromosomenzahl und -länge der jeweiligen Kulturart,
- Polymorphiegrad des Markersystems,
- Vererbung des Markersystems (dominant oder kodominant),
- Verteilung der Marker im Genom,
- GD-Distanzmaß, das angewandt wird,
- Genetische Diversität innerhalb der Kulturart.

Generell empfiehlt sich bei der Ermittlung von GD-Grenzwerten zur Unterscheidung von abgeleiteten und unabhängigen Sorten folgendes Vorgehen (für jede Kulturart separat durchzuführen!):

1. Einigung der Züchter untereinander auf akzeptierte und nicht akzeptierte Zuchtmethoden (z.B. wie viele Rückkreuzungsgenerationen sind erlaubt?);
2. Einigung auf ein Standardmarkerset, das zur Identifizierung von EDVs herangezogen wird;
3. Genotypisierung eines Sets aus **unverwandten Genotypen**, das die Diversität innerhalb des Zuchtmaterials widerspiegelt;
4. Genotypisierung eines Sets aus Genotypen mit **genau bestimmten Verwandtschaftsgraden**, (z.B. F₂-, BC₁-, BC₂-abgeleitet, kann ggf. teilweise über Simulationsrechnungen erfolgen) und Bestimmung der Häufigkeitsverteilungen der GD-Werte für jedes Verwandtschaftsverhältnis getrennt;

5. Festlegung eines GD-Grenzwertes nach kritischer Untersuchung des Überlappungsgrades der Verteilungen zwischen akzeptierten und nicht akzeptierten Zuchtverfahren, ggf. mit einer „roten“ Zone, innerhalb der eine Sorte in jedem Fall eine EDV wäre, einer „oranen“ Übergangszone, innerhalb derer der Züchter der potenziellen EDV beweisen kann, dass er kein nicht akzeptiertes Zuchtverfahren angewandt hat und einer „grünen“ Zone, innerhalb derer eine Sorte als unabhängige Sorte eingestuft würde.

Nach Festlegung eines Grenzwertes könnte das Verfahren zur Identifikation einer vermeintlichen EDV folgendermaßen aussehen:

1. Der Züchter der Ausgangssorte trägt zunächst die Beweislast, dass eine wesentliche Ableitung stattgefunden hat. Solange keine Sorte eines Mitbewerbers eine kleinere GD als der Grenzwert zur Ausgangssorte hat, geschieht nichts.
2. Unterschreitet die GD zwischen der Sorte eines Mitbewerbers und der Ursprungssorte den festgelegten EDV-Grenzwert, dreht sich die Beweislast um und der Züchter der vermeintlichen EDV könnte beweisen, dass er keines der festgelegten nichtakzeptierten Zuchtverfahren angewandt hat, z.B. durch Offenlegung von Zuchtbüchern und Dokumentationsdateien.
3. Gelingt ihm dies, wird die Sorte als unabhängige Sorte eingestuft, nichts weiter geschieht. Kann er den Beweis jedoch nicht führen, wäre die Sorte als EDV einzustufen und der Züchter der EDV hätte den Züchter der Ausgangssorte in angemessener Weise zu entschädigen.

Genauere Beschreibungen der verschiedenen Möglichkeiten, kulturartspezifische EDV-Grenzwerte zu bestimmen, können den angegebenen und weiteren Literaturstellen entnommen oder bei den Autoren erfragt werden.

Literatur

- ASSINSEL (1999) Essential Derivation and Dependence. Practical Information. http://www.worldseed.org/Position_papers/derive.htm
- BERNARDO, R & KÄHLER AL (2001) North American Study on Essential Derivation in Maize: Inbreds Developed Without and With Selection From F-2 Populations. *Theoretical and Applied Genetics* 102:986-992.
- DILLMANN, C, BAR-HEN, A, GUERIN, D, CHARCOSSET, A & MURIGNEUX A (1997) Comparison of RFLP and morphological distances between maize (*Zea mays* L.) inbred lines - consequences for germplasm protection purposes. *Theor. Appl. Genet.* 95:92-102.
- EEUWIJK, FAV & BARIL CP (2001) Conceptual and statistical issues related to the use of molecular markers for distinctness and essential derivation. *Acta Hort.* 546:35-53.
- EEUWIJK, FAV & LAW JR (2004) Statistical aspects of essential derivation, with illustrations based on lettuce and barley. *Euphytica* 137:129-137.
- GILL, P, KIMPTON, CP, URQUHART, A, OLDROYD, N, MILLICAN, ES, WATSON, SK &

- DOWNES TJ (1995) Automated short tandem repeat (str) analysis in forensic casework: a strategy for the future. *Electrophoresis* 16:1543-1552.
- GILLILAND, TJ, COLL, R, CALSYN, E, LOOSE, MDE, EIJK, MJTV & ROLDAN RUIZ I (2000) Estimating genetic conformity between related ryegrass (*Lolium*) varieties. 1. Morphology and biochemical characterisation. *Mol-breed* 6:569-580.
- GRAHAM, J, CURRAN, J & WEIR BS (2000) Conditional Genotypic Probabilities for Microsatellite Loci. *Genetics* 155:1973-1980.
- HECKENBERGER, M, BOHN, M, KLEIN, D & MELCHINGER AE (2004a) Identification of essentially derived varieties obtained from biparental crosses of homozygous lines. II. Morphological distances and heterosis in comparison with SSR and AFLP data in maize. *Crop Sci.* in press
- HECKENBERGER, M, BOHN, M & MELCHINGER AE (2004b) Identification of essentially derived varieties obtained from biparental crosses of homozygous lines. I. SSR data from maize inbreds. *Crop Sci.* in press
- HECKENBERGER, M, BOHN, M, ROUPPE VAN DER VOORT, J & MELCHINGER AE (2005) Identification of essentially derived varieties obtained from biparental crosses of homozygous lines. III. AFLP data from maize and comparison with SSR data. In preparation
- KNAAK, C, FÖRSTER, J & JÄGER-GUSSEN M. (1996) "Abgeleitete" Sorten aus praktischer Sicht (in German). Bericht über die 47. Arbeitstagung 1996 der Saatzuchtleiter im Rahmen der "Vereinigung österreichischer Pflanzenzüchter" BAL Gumpenstein 167-172.
- MARTIN, JM, BLAKE, TK & HOCKETT EA (1991) Diversity among North American spring barley cultivars based on coefficients of parentage. *Crop Sci.* 31:1131-1137.
- NUEL, G, ROBIN, S & BARIL, C.P. (2001) Predicting distance using a linear model: the case of varietal distinctness. *Journal of Applied Statistics* 28:607-621.
- REBOURG, C, DUBREUIL, P & CHARCOSSET A (1999) Genetic Diversity Among Maize Populations: Bulk Rflp Analysis of 65 Accessions. *Maydica* 44:237-249.
- ROLDAN-RUIZ, I, CALSYN, E, GILLILAND, TJ, COLL, R, VAN EIJK, MJT & DE LOOSE M (2000a) Estimating genetic conformity between related ryegrass (*Lolium*) varieties. 2. AFLP characterization. *Mol. Breed.* 6:593-602.
- ROLDAN RUIZ, I, EEUWIJK, FAV, GILLILAND, TJ, DUBREUIL, P, DILLMANN, C, LALLEMAND, J, LOOSE, MDE & BARIL CP (2000b) A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. *Theor-appl-genet.* 103:1138-1150.
- SMITH, JSC & SMITH OS (1989) The description and assessment of distances between inbred lines of maize: II. The utility of morphological, biochemical, and genetic descriptors and a scheme for testing of distinctiveness between inbred lines. *Maydica* 34:151-161.
- SMITH, JSC, SMITH, OS, BOWEN, SL, TENBORG, RA & WALL SJ (1991) The description and assessment of distances between inbred lines of maize. III. A revised scheme for the testing of distinctiveness between inbred lines utilizing DNA RFLPs. *Maydica* 36:213-226.
- UPOV (1961) International convention for the protection of new varieties of plants. <http://www.upov.int/en/publications/conventions/1961/content.htm>
- UPOV (1978) International convention for the protection of new varieties of plants. <http://www.upov.int/en/publications/conventions/1978/content.htm>

- UPOV (1991) International convention for the protection of new varieties of plants.
<http://www.upov.int/en/publications/conventions/1991/content.htm>
- VOSMAN, B, COOKE R, GANAL M, PEETERS R, ISAAK P, RÖDER M, JACKSON J, RENDELL S, DIJKS M, KLEYN Y, VISSER D, WENDEHAKE K, ARESHCHENKOVA T, KORZUN V, AMELAINE. MARC, WICKAERT V & BREDEMEIJER G (2000) Standardisation of molecular marker Systems for Variety Testing. International Union for the protection of new varieties of Plants (UPOV): Working group on biochemical and molecular marker techniques and DNA-profiling in particular. Angers, France.
- WANG, JK & BERNARDO R (2000) Variance of marker estimates of parental contribution to f-2 and bc1-derived inbreds. Crop Sci. 40:659-665.

Etablierte Methoden zur genetischen Differenzierung von forstlichen Genressourcen als Voraussetzung der Generhaltung im Forst

Established methods for genetic differentiation of forest genetic resources as pre-condition for gene conservation in forests

BERND DEGEN¹

Zusammenfassung

Im Vergleich zu anderen Organismen haben Forstgehölze eine relativ hohe genetische Vielfalt. Diese genetische Variation sichert bei den ortsfesten und langlebigen Bäumen die genetische Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Umweltbedingungen. Ebenso verfügen Baumpopulationen durch ihre Populationsgröße, den starken Genfluss, die Überlappung der Generationen und die Langlebigkeit über Eigenschaften, die zu einer Anreicherung und Bewahrung genetischer Variation führen. Die Rückwanderung aus verschiedenen eiszeitlichen Refugien, die Verfrachtung von forstlichem Vermehrungsgut durch den Menschen und die unterschiedliche natürliche Anpassung an lokale Umweltbedingungen führten im Wesentlichen zu der heutigen genetischen Differenzierung der Baumpopulationen in Deutschland. Genetische Inventuren mit bi-parental vererbten biochemischen Markern (Isoenzyme) sowie mit molekulargenetischen Markern (RAPDs, AFLPs, Mikrosatelliten) ergaben zumeist eine nur geringe genetische Differenzierung (F_{ST} , G_{ST} , R_{ST} , $\delta < 10\%$) zwischen verschiedenen Populationen. Der überwiegende Teil der genetischen Variation findet sich bei diesen Markern innerhalb der Bestände. Der starke Genfluss durch Pollen und Samen wirkte einer stärkeren genetischen Differenzierung entgegen. Nur in wenigen Ausnahmen konnten bei diesen Genmarkern klinale Variationsmuster als Hinweis auf eine lokale Anpassung gefunden werden. Hingegen erbrachten genetische Untersuchungen mit mütterlich vererbten Genmarkern (cp-DNA-Marker bei Angiospermen, mt-DNA-Marker bei Koniferen) zumeist eine starke genetische Differenzierung. Diese genetischen Unterschiede sind auf die nacheiszeitliche Rückwanderung sowie auf die Verwendung von gebietsfremdem Vermehrungsgut zurückzuführen. Feldversuche und Versuche unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus oder in Klimakammern mit genealogisch definiertem Material (z.B. Herkünfte, Familien, Kone) ergaben deutliche Hinweise auf eine genetische Differenzierung, die auf unterschiedliche lokale Anpassung zurückzuführen ist. Häufig ist die genetische Differenzierung zwischen Baumpopulationen bei quantitativen Merkmalen größer als bei bi-parental vererbten Genmarkern. Die zunehmenden Kenntnisse zum Genom der Bäume ermöglichen

¹ Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft (BFH)
Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Sieker Landstrasse 2
22927 Großhansdorf

zukünftig die Entwicklung und den Einsatz von Genmarkern, welche die Bestimmung der genetischen Differenzierung bei adaptiv bedeutenden Genen ermöglichen.

Summary

Compared to other organisms trees have a relative high level of genetic diversity. This genetic variation of the sessile and long living trees ensures the genetic adaptability to changing environments. Moreover, tree populations have characteristics such as high population size, strong gene flow, overlapping of generations that enable the accumulation and maintenance of genetic variation. The postglacial re-colonisation from different refuges, the transport of forest reproductive material by men, and local adaptation to different environmental conditions shaped the genetic differentiation among tree populations in Germany. Genetic inventories with bi-parentally inherited biochemical gene-markers (isozymes) and molecular markers (RAPDs, AFLPs, microsatellites) showed in most cases only little genetic differentiation (F_{ST} , G_{ST} , R_{ST} , $\delta < 10\%$) between populations. Most of the genetic variation can be found within and not among populations. A strong gene flow by pollen and seeds avoids stronger genetic differentiation. Only in rare cases a clinal variation as hint for local adaptation has been found. In contrast to this observation genetic studies with maternally inherited gene-markers (cpDNA-marker for angiosperms, mtDNA-marker for conifers) showed mostly a strong genetic differentiation. These genetic differences were shaped by the postglacial re-colonisation and by men made gene transfer of non-autochthonous reproductive material. The genetic differentiation at quantitative traits has been studied in field trials, common garden experiments and in the green house under different environmental conditions with genetically defined material (provenances, families, clones). These experiments gave evidence for stronger genetic differences among populations for adaptive traits than has been observed for bi-parentally inherited neutral gene markers. In the near future the increasing knowledge on the genome of trees will enable the development and application of gene markers to access the genetic differentiation of adaptive genes.

Einleitung

Die Erhaltung forstgenetischer Ressourcen dient unter anderem, den Zielen, (a) die Vielfalt innerhalb von Baum- und Straucharten zu erhalten, (b) forstliche Genressourcen nachhaltig zu nutzen, (c) lebensfähige Populationen gefährdeter Baum- und Straucharten wieder herzustellen sowie (d) einen Beitrag zur Erhaltung und Wiederherstellung vielfältiger Waldökosysteme zu leisten (<http://www.genres.de/fgrdeu/konzeption/>). Zur Identifizierung von geeigneten Populationen für Generhaltungsmaßnahmen ist es wichtig, auf die Besonderheiten von Waldbäumen zu achten und die genetische Differenzierung zwischen den Populationen zu kennen. Dieser Textbeitrag gibt daher zunächst einige Hinweise auf Besonderheiten im genetischen System von Baumpopulationen. Anschließend

werden Methoden und Ergebnisse zur genetischen Differenzierung von Baumpopulationen vorgestellt.

Besonderheiten von Baumpopulationen

Im Vergleich zu anderen Organismen haben Forstgehölze eine relativ hohe genetische Vielfalt. Dieses Ergebnis wurde sowohl bei Untersuchungen mit Isoenzymen (Abb. 1) als auch bei Arbeiten mit molekularen Markern beobachtet (Tab. 1).

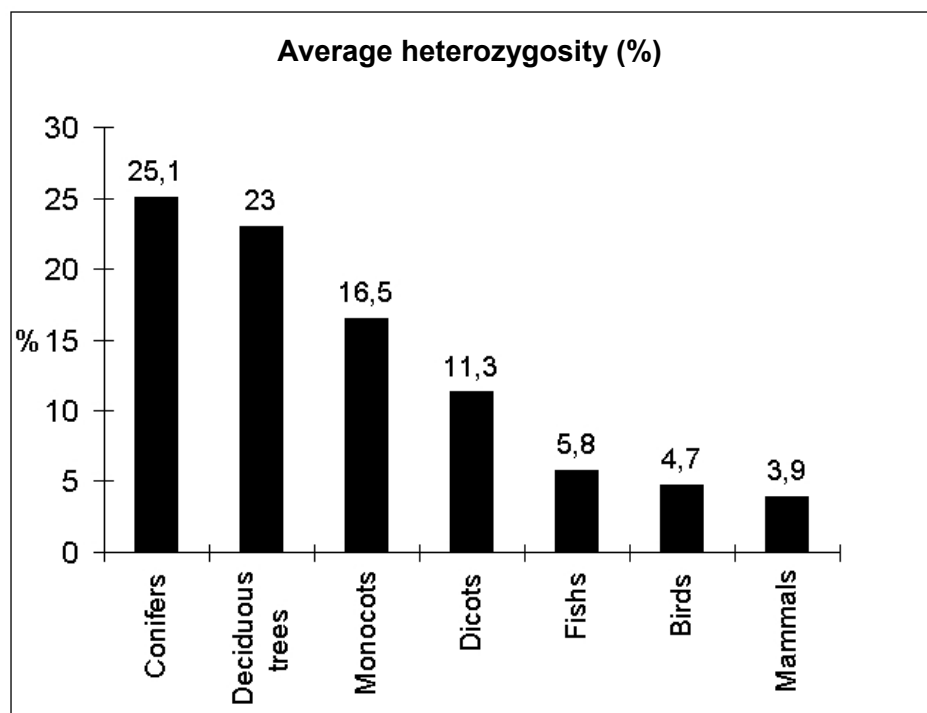


Abb. 1: Mittlere Heterozygotie bei Isoenzymuntersuchungen in verschiedenen Gruppen von Organismen. Daten von LEDIG (1986), HAMRICK & GODT (1990), MÜLLER-STARCK & ZIEHE (1991)

Fig. 1: Mean heterozygosity at isozyme studies for different groups of organisms. Data from LEDIG (1986), HAMRICK & GODT(1990), MÜLLER-STARCK & ZIEHE (1991)

Bei Untersuchungen mit Isoenzymen zeigten Bäume mit einer mittleren Heterozygotie von 25% eine mehr als fünfmal höhere genetische Vielfalt als Säugetiere. Diese genetische Variation sichert bei den ortsfesten und langlebigen Bäumen die genetische Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Umweltbedingungen (GREGORIUS 1991). Bäume müssen am selben Ort mehrere Jahrzehnte bis zu mehreren Jahrhunderten mit den vielfältigsten Umweltbedingungen zurecht kommen. Die hierbei erforderliche hohe Anpassungsfähigkeit wird durch eine hohe genetische Diversität gesichert. Eine generell mit der Lebenserwartung gesteigerte genetische Vielfalt konnte auch anhand von molekularen Markern bei Pflanzen nachgewiesen werden (Tab. 1, Lebensform). Ebenso verfügen Baumpopulationen durch ihre Populations-

größe, den starken Genfluss, die Überlappung der Generationen und die Langlebigkeit über Eigenschaften, die zu einer Anreicherung und Bewahrung genetischer Variation führen.

So wurden für langlebige Pflanzen mit großem geographischen Verbreitungsgebiet in späten Sukzessionsstadien, einem hohen Anteil an Fremdbefruchtungen und einer Samenverbreitung durch Tiere die höchsten genetischen Diversitätswerte bei Untersuchungen mit molekularen Markern gefunden (Tab. 1, NYBOM 2004).

Tab. 1: Mittlere Heterozygotie (H_{pop} , H_E) bei molekularen Markern (RAPDs, nukleare Mikrosatelliten) in Wildpopulationen verschiedener krautiger Pflanzen, gegliedert nach „life-history traits“ (NYBOM 2004)

Tab. 1: Mean heterozygosity (H_{pop} , H_E) for molecular markers (RAPDs, nuclear microsatellites) in natural populations of plants grouped by life history traits (NYBOM 2004)

	RAPDs (160 Studien)		Mikrosatelliten (106 Studien)	
	N	H_{pop}	N	H_E
Lebensform		*		***
einjährig	6	0.13	15	0.46
mehrfährig	17	0.20	29	0.55
langlebig	37	0.25	59	0.68
Geographische Verbreitung		ns		*
endemisch	7	0.20	7	0.42
begrenzt	8	0.28	16	0.56
regional	25	0.21	41	0.65
überregional	20	0.22	31	0.62
Paarungssystem		***		***
ausschließlich Selbstungen	10	0.12	15	0.41
gemischt	8	0.18	15	0.60
ausschließlich Fremdbefruchtungen	38	0.27	71	0.65
Samenverbreitung		ns		***
Schwerkraft	24	0.19	29	0.47
Tiere - passiv - angeheftet	3	0.16	8	0.56
Wind oder Wasser	7	0.27	28	0.61
Tiere - Verdauung	22	0.24	29	0.73
Sukzessionsstadium		**		***
früh	15	0.17	24	0.46
mittel	28	0.21	40	0.63
spät	16	0.30	34	0.70

Auswirkungen der Eiszeiten

Während der Eiszeiten wurden die Baumpopulationen auf wenige Refugialgebiete in Süd- und Südosteuropa zurückgedrängt. Nach den Eiszeiten erfolgte dann jeweils eine Rückwanderung aus diesen Refugialgebieten in ihr neues Verbreitungsgebiet. Untersuchungen der Pollenzusammensetzung von Ablagerungen in Seen, Mooren und Höhlen gaben einen guten Überblick über den zeitlichen Verlauf dieser Migrationsbewegungen (PETIT *et al.* 2002). Die heutige genetische Zusammensetzung der meisten Baumpopulationen wurde ganz wesentlich durch diese Kolonialisierung geprägt. Je nach eiszeitlichem Refugialgebiet und der Wanderroute unterscheiden sich die Baumpopulationen genetisch. Dies ist am besten für Stiel- und Traubeneiche in Europa untersucht. Die genetische Zusammensetzung an Chloroplasten-DNA-Markern, die bei den Angiospermen zumeist rein mütterlich vererbt und daher nur über den Samen verbreitet werden, gaben ein sehr gutes Bild von den Auswirkungen der nacheiszeitlichen Rückwanderung aus verschiedenen Refugialgebieten (Abb. 2a,b (KÖNIG *et al.* 2002).

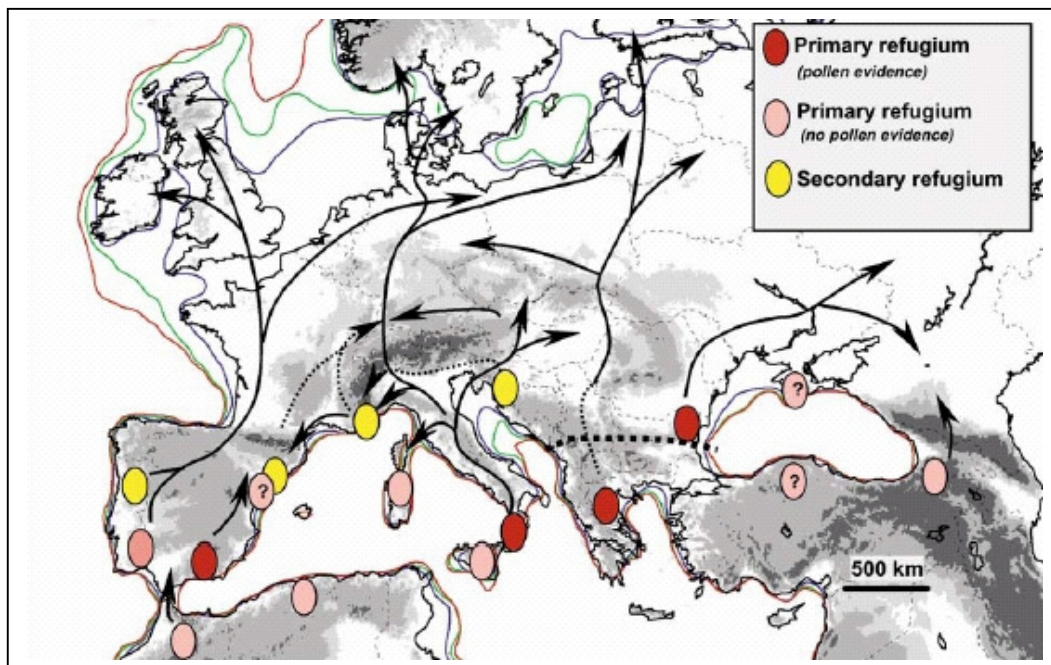


Abb. 2a: In dem EU-Projekt „FairOak“ wurden mehr als 2600 Populationen von Stiel- und Traubeneiche in Europa auf ihre Variation bei Chloroplasten DNA-Markern untersucht (PETIT *et al.* 2002). Daraus ergab sich ein deutliches Bild über die nacheiszeitlichen Rückwanderungslinien der Eichen. In Deutschland ist die genetische Zusammensetzung der Eichen an diesen Markern heterogener als in anderen europ. Ländern (KÖNIG *et al.* 2002), da mehrere Rückwanderungslinien in Zentraleuropa aufeinander treffen.

Fig. 2a: More than 2600 populations of *Quercus robur* and *Q. petraea* have been studied in Europe for the genetic variation at chloroplast DNA-markers (PETIT *et al.* 2002). This study gave a clear picture about the different lineages of postglacial re-colonisation (a). In Germany the genetic composition of oaks at this type of gene markers is more heterogeneous than in other European countries (KÖNIG *et al.* 2002). In Central-Europe different migration routes came together.

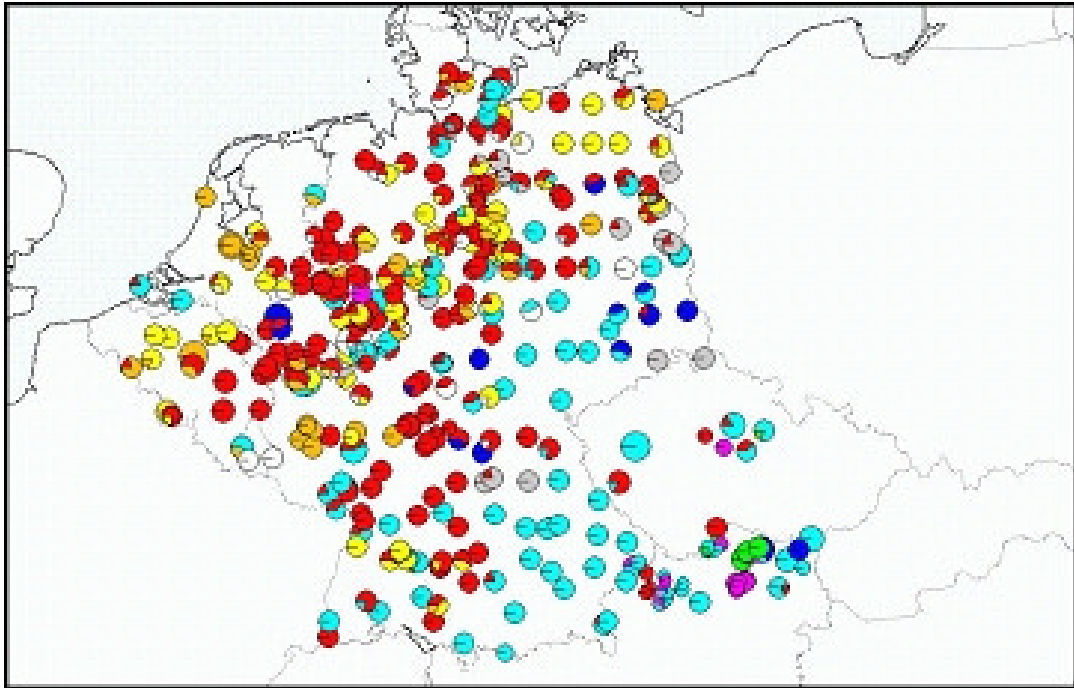


Abb. 2b: Jedes Tortendiagramm zeigt die Anteile verschiedener Chloroplasten-Varianten in den untersuchten Populationen.

Fig. 2b: Position of studied oak populations in Germany, and the colours show the composition of cp-DNA haplotypes in each studied site.

Auswirkungen des Menschen

Auch der Mensch hat die genetische Zusammensetzung der Baumpopulationen in Deutschland beeinflusst. Dies geschah insbesondere bei Neu- und Wiederaufforstungen durch die Verwendung gebietsfremden Materials (SCHOPPA & GREGORIUS 1999). Dieser „anthropogen bedingte Genfluss“ fand besonders bei Fichten, Kiefern und Eichen statt. Andere Baumarten, die hauptsächlich über natürliche Verjüngung vermehrt wurden wie z.B. Buche und Hainbuche, waren hiervon weniger betroffen. Seit ca. 250 Jahren werden in der mitteleuropäischen Forstwirtschaft auch nichtheimische Baumarten angebaut (z. B. Douglasie, Schwarzkiefer, Robinie). Die genetische Zusammensetzung dieser Populationen bestimmt sich aus dem Ursprungsort des verwendeten Vermehrungsgutes, der Saatguternteverfahren und aus bereits erfolgter Anpassung an den neuen Anbauort. Zudem sind Beispiel dafür bekannt, dass die forstliche Praxis (Saatguternte, Verjüngung, Bestandespflege, Ernteverfahren) die genetische Zusammensetzung der Baumbestände verändert hat (DEGEN *et al.* 1999a; DEGEN & SCHOLZ 1998; KONNERT & RUETZ 2003).

Genetische Differenzierung von Baumpopulationen

Genmarker

Es sind verschiedene Arten von Genmarkern eingesetzt worden, um die genetische Differenzierung von Baumpopulationen zu ermitteln. Seit Anfang der 70-iger Jahre wurden Isoenzyme benutzt. Hiermit war es erstmalig möglich, direkt die genetische

Differenzierung von Baumpopulationen zu messen. Bei den meisten Isoenzym-Genorten handelt es sich um bi-parental vererbte, co-dominante Marker. Diese genetische Information wird also sowohl über den Pollen (männliche Haplotypen) als auch über die Samen (Zygoten) verbreitet.

Seit ca. 10 Jahren werden verschiedene molekulare Genmarker eingesetzt. Bei den nuklearen Mikrosatelliten (SSR-Marker) handelt es sich ebenfalls um bi-parental vererbte, co-dominante Genmarker. Zudem kamen extranukleare, uni-parental vererbte Genmarker zum Einsatz. Von besonderer Bedeutung waren hierbei Chloroplasten-DNA-Marker, die bei Angiospermen zumeist ausschließlich mütterlich und bei Koniferen zumeist ausschließlich väterlich vererbt werden sowie Mitochondrien-DNA-Marker, die bei Koniferen mütterlich vererbt werden.

Ferner wurden dominante molekulare Genmarker (RAPDs, AFLPs) benutzt, um genetische Unterschiede zwischen Populationen aufzuzeigen. Auf diese Kategorie von Genmarkern wird hier jedoch nicht weiter eingegangen, da hiermit Allelhäufigkeiten nur geschätzt und nicht direkt gemessen werden können.

Neben der Art der verwendeten Genmarker gibt es auch verschiedene mathematische Maße, um die genetische Differenzierung zwischen Baumpopulationen zu erfassen. Weit verbreitet sind Statistiken, die das Ausmaß der genetischen Fixierung (F_{ST} , G_{ST} , R_{ST}) auf Allele bzw. Haplotypen als Messgröße benutzen (WEIR 1996). Andere Maße basieren auf der Berechnung von genetischen Abständen (D_j , δ , \emptyset Dis) zwischen den Populationen (GREGORIUS 1996). Insbesondere bei Genmarkern mit einer hohen genetischen Variation wie z.B. nukleare Mikrosatelliten können die Ergebnisse der beide Kategorien von Maßen sehr unterschiedlich sein und sind daher nicht immer direkt vergleichbar (HEDRICK 1999).

Bi-parental vererbte codominante Genmarker

Bei Isoenzymen zeigte sich in den meisten Untersuchungen nur eine geringe genetische Differenzierung. Einige Beispiele sind in Tabelle 2 aufgeführt. Die Fixierungswerte und die abstands-basierten Differenzierungsmaße liegen zumeist unter 0,1. Ein starker Genfluss durch Pollen und Samen wird gemeinhin als Erklärung für diese geringe genetische Differenzierung angeführt. Nur in seltenen Fällen wie z.B. bei der Tanne (BERGMANN & GREGORIUS 1993) konnte eine klinale Variation der Allelhäufigkeiten bei Isoenzymen nachgewiesen werden. Genetische Selektion und damit lokale Anpassung der Populationen ist daher nur in seltenen Fällen für die genetische Differenzierung an diesen Genmarkern zwischen Populationen verantwortlich. Bei seltenen, zerstreut vorkommenden Baumarten wie z. B. *Taxus baccata* ließ sich eine größere Differenzierung nachweisen (CAO *et al.* 2004). Dies dürfte auf die Wirkung genetischer Drift zurückzuführen sein.

Tab. 2: Genetische Differenzierung von Baumpopulationen an Isoenzym-Genorten, gemessen als Ausmaß der Fixierung (G_{ST} , F_{ST}) und/oder mittleren genetischen Abstand (D_j , δ , \emptyset Dis); N_{Pop} = Anzahl untersuchter Populationen

Tab. 2: Genetic differentiation of tree populations at isozymes measured as fixation (G_{ST} , F_{ST}) and/ or genetic distance (D_j , δ , \emptyset Dis); N_{Pop} = number of studied populations

Baumart	Gebiet	N_{Pop}	G_{ST} F_{ST}	D_j δ \emptyset Dis	Literatur
<i>Fagus sylvatica</i>	Deutschland	263		0,040	(KONNERT <i>et al.</i> 2000)
<i>Quercus robur</i>	Deutschland	5	0,036	0,085	(MÜLLER-STARCK & ZIEHE 1991)
<i>Quercus petraea</i>	Deutschland	5	0,018	0,050	(MÜLLER-STARCK & ZIEHE 1991)
<i>Pinus sylvestris</i>	Bayern	9	0,020		(MÜLLER-STARCK 1987)
<i>Picea abies</i>	Mitteleuropa + Skandinavien	9	0,040		(BERGMANN 1974)
<i>Abies alba</i>	Schweiz	18		0,044	(HUSSENDÖRFER 1999)
<i>Taxus baccata</i>	Niedersachsen, Hessen, NRW	6		0,195	(CAO <i>et al.</i> 2004)

Größere genetische Abstände zwischen Baumpopulationen konnten bei Untersuchungen mit nuklearen Mikrosatelliten gefunden werden. Ein direkter Vergleich zwischen der Differenzierung bei Isoenzymen und Mikrosatelliten ergab bei Letzteren zum Beispiel zwischen zwei Stieleichenpopulationen in Norddeutschland doppelt so große genetische Abstände (DEGEN *et al.* 1999b). Untersuchungen mit Mikrosatelliten, in denen Fixierungsmaße zur Bestimmung der Differenzierung eingesetzt wurden, zeigten jedoch ebenso wie bei den meisten Isoenzym-Arbeiten nur geringe Werte (HEUERTZ *et al.* 2001; MARIETTE *et al.* 2002). Es ist wegen der hohen genetischen Variation bei Mikrosatelliten zu erwarten, dass diese empfindlicher auf „genetische Flaschenhalseffekte“ in der Geschichte der Baumpopulationen reagieren. Hierzu müssen jedoch höhere Stichprobenumfänge als bei Isoenzymen benutzt werden. Die meisten nuklearen Mikrosatelliten weisen Variation im nicht kodierenden Bereich des Genoms auf. Daher dürften auch diese Marker ungeeignet sein, um eine lokale Anpassung durch Selektion nachzuweisen.

Uni-parental vererbte Genmarker

Eine viel stärkere genetische Differenzierung konnte bei uni-parental vererbten Genmarkern (cp-Marker, mt-Marker) gefunden werden (Tabelle 3). In den meisten Fällen lagen die Fixierungswerte über 0,2. Die starke Differenzierung bei diesen Markern veranschaulicht die Bedeutung der nacheiszeitlichen Rückwanderung. Mütterlich vererbte Genmarker zeigen zumeist eine stärkere genetische Differenzierung auf als väterlich vererbte Genmarker. Dies erklärt sich aus dem

deutlich begrenzteren Genfluss durch Samen im Vergleich zum Genfluss durch Pollen. Bei windbestäubten Baumarten kann der Pollen über mehrere Kilometer verbreitet werden, während die schweren Samen (Eiche, Buche) zumeist nur bis zu 100m weit verbreitet werden. Auch diese Kategorie von Genmarkern ist ungeeignet, um eine durch Selektion verursachte genetische Differenzierung von Baumpopulationen nachzuweisen.

Tab. 3: Genetische Differenzierung von Baumpopulationen an Mitochondrien-DNA-Markern (mt-DNA) und Chloroplasten-DNA-Markern (cp-DNA) gemessen als Ausmaß der Fixierung (G_{ST} , F_{ST} , R_{ST}); N_{Pop} = Anzahl untersuchter Populationen

Tab. 3: Genetic differentiation of tree populations at mitochondrien DNA- markers (mt-DNA) and chloplast DNA markers (cp-DNA) measured as fixation (G_{ST} , F_{ST} , R_{ST}); N_{Pop} = number of studied populations

Baumart	Gebiet	Marker	N_{Pop}	G_{ST} , F_{ST} , R_{ST}	Literatur
<i>Picea abies</i>	Alpen	mt-DNA	13	0,41	(GUGERLI <i>et al.</i> 2001)
<i>Pinus sylvestris</i>	Westeuropa	mt-DNA	38	0,37- 0,81	(SINCLAIR <i>et al.</i> 1999)
<i>Betula pendula</i>	Europa	cp-DNA	47	0,47	(PALME <i>et al.</i> 2003)
<i>Fagus sylvatica</i>	Italien	cp-DNA	67	0,85	(VETTORI <i>et al.</i> 2004)
<i>Quercus sp.</i>	Deutschland + Benelux	cp-DNA	426	0,68- 0,79	(KÖNIG <i>et al.</i> 2002)
<i>Sorbus aucuparia</i>	Frankreich, Belgien	cp-DNA	6	0,25	(RASPE <i>et al.</i> 2000)

Quantitative Merkmale

Seit mehreren Jahrzehnten werden in der Forstgenetik Provenienzversuche durchgeführt. Hierbei handelt es sich häufig um internationale Versuche, in denen Vermehrungsgut aus unterschiedlichen Regionen des Verbreitungsgebietes einer Baumart an mehreren Versuchstandorten auf seine Anbaueignung hin untersucht wird. Hier sind beispielhaft die internationalen Fichten- und Kiefernprovenienzversuche der IUFRO zu nennen (GIERTYCH & OLEKSYN 1992; KRUTZSCH 1992; PERSSON & PERSSON 1997; STEPHAN & LIESEBACH 1996). Bei diesen Versuchen werden neben Wüchsigkeit und Wuchsform, phänologischen Parametern, die Mortalität und die Resistenz gegenüber Pilz- und Insektenbefall untersucht. Die Differenzierung bei diesen Merkmalen gibt wertvolle Hinweise auf unterschiedliche genetische Anpassungen der Populationen. In Anlehnung an statistische Maße bei Genmarkern wurden auch für diese Merkmale Statistiken zur Bestimmung der Differenzierung zwischen Populationen entwickelt (Q_{ST}). Die Differenzierung an

adaptiven Merkmalen ist häufig größer als bei den meisten Genmarkern (LE CORRE & KREMER 2003; SAVOLAINEN *et al.* 2004).

Ausblick

Mit zunehmender Kenntnis über das Genom von Waldbäumen steigen die Möglichkeiten, auch bei Bäumen die genetische Differenzierung zwischen Populationen an adaptiv bedeutsamen Genen zu ermitteln. So wurde im September 2004 bekannt gegeben, dass das Genom der Balsampappel als dritte Pflanzenart vollständig entschlüsselt wurde. Mit diesen Informationen zur Gensequenz wird es möglich sein, spezielle Genmarker für adaptive Merkmale zu entwickeln. Zur Zeit laufen vielfältige Projekte mit dem Ziel, Gene für wirtschaftlich bedeutende und anpassungsrelevante Eigenschaften zu identifizieren. Die Sequenzvariation dieser Gene wird dann in einem nächsten Schritt genutzt, um sog SNP-Marker (*single nucleotide polymorphism*) zu entwickeln (NEALE & SAVOLAINEN 2004). Genetische Inventuren mit solchen Markern werden zukünftig die Bestimmung der genetischen Differenzierung anpassungsrelevanter Merkmale ermöglichen. Hierbei wird das Material in Kreuzungsfamilien und Herkunftsversuchen von großer Wichtigkeit sein.

Literatur

- BERGMANN, F., 1974: Genetic distance between populations. II. The determination of genetic distance between European spruce populations (*Picea abies*) on the basis of isoenzyme gene frequencies. *Silvae Genetica* 23: 28-32.
- BERGMANN, F. & H.-R. GREGORIUS, 1993: Ecogeographical distribution and thermostability of isocitrate dehydrogenase (IDH) alloenzymes in European silver fir. *Biochemical Systematics and Ecology* 21: 597-605.
- CAO, C. P., L. LEINEMANN, M. ZIEHE & R. FINKELDEY, 2004: Untersuchungen zur genetischen Variation und Differenzierung von Eibenbeständen mit Hilfe von Isoenzym- und DNS-Markern. *Allgemeine Forst und Jagdzeitung* 175: 21-28.
- DEGEN, B., L. LLAMAS-GOMEZ & F. SCHOLZ, 1999a: Erarbeitung von Entscheidungshilfen für eine nachhaltige Forstwirtschaft zum Schutze der genetischen Vielfalt von Waldbaum- und Waldstraucharten, pp. 1-139 in *Wichtige Einflussfaktoren auf die Biodiversität in Wäldern*, edited by B. DEGEN, Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Hamburg.
- DEGEN, B. & F. SCHOLZ, 1998: Spatial genetic differentiation among populations of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Western Germany as identified by geostatistical analysis. *Forest Genetics* 5: 191-199.
- DEGEN, B., R. STREIFF & B. ZIEGENHAGEN, 1999b: Comparative study of genetic variation and differentiation of two pedunculate oak (*Quercus robur*) stands using microsatellite and allozyme loci. *Heredity* 83: 597-603.
- GIERTYCH, M. & J. OLEKSYN, 1992: Studies on genetic variation in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) coordinated by IUFRO. *Silvae Genetica* 41: 133-143.

- GREGORIUS, H.-R., 1991: Gene conservation and the preservation of adaptability, pp. 31-47 in *Species conservation: A population-biological approach*, edited by V. Loeschcke, Birkhauser Verlag, Basel Boston Berlin.
- GREGORIUS, H.-R., 1996: Differentiation between populations and its measurement. *Acta Biotheoretica* 44: 23-36.
- GUGERLI, F., C. SPERISEN, U. BUCHLER, F. MAGNI, T. GEBUREK, S. JEANDROZ & J. SENN, 2001: Haplotype variation in a mitochondrial tandem repeat of Norway spruce (*Picea abies*) populations suggests a serious founder effect during postglacial re-colonization of the western Alps. *Molecular Ecology* 10: 1255-1263.
- HAMRICK, J. L. & M. J. W. GODT, 1990: Allozyme diversity in plant species, pp. 43-63 in *Plant population genetics, breeding, and genetic resources*, edited by B. S. Weir, Sinauer Associates, Sunderland/MA.
- HEDRICK, P. W., 1999: Perspective: highly variable loci and their interpretation in evolution and conservation. *Evolution* 53: 313-318.
- HEUERTZ, M., J. F. HAUSMAN, I. TSVETKOV, N. FRASCARIA-LACOSTE & X. VEKEMANS, 2001: Assessment of genetic structure within and among Bulgarian populations of the common ash (*Fraxinus excelsior* L.). *Molecular Ecology* 10: 1615-1623.
- HUSSENDÖRFER, E., 1999: Genetic variation of silver fir populations (*Abies alba* Mill.) in Switzerland. *Forest Genetics* 6: 101-113.
- KÖNIG, A., K. BURG, E. COART, U. CSAIKL, B. V. DAM, B. DEGEN, R. PETIT, S. D. VRIES & B. ZIEGENHAGEN, 2002: Chloroplast DNA variation of oaks in western Central Europe. *Forest Ecology and Management* 156: 147-166.
- KONNERT, M. & W. RUETZ, 2003: Influence of nursery practices on the genetic structure of beech (*Fagus sylvatica* L.) seedling populations. *Forest Ecology and Management* 184: 193-200.
- KONNERT, M., M. ZIEHE, U. TRÖBER, W. MAURER, A. JANSEN, T. SANDER, E. HUSSENDÖRFER & H. HERTEL, 2000: Genetische Variation der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Deutschland: Gemeinsame Auswertung genetischer Inventuren über verschiedene Bundesländer *Forst und Holz* 55: 403-408.
- KRUTZSCH, P., 1992: IUFRO's role in coniferous tree improvement: Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.). *Silvae Genetica* 41: 143-150.
- LE CORRE, V. & A. KREMER, 2003: Genetic Variability at Neutral Markers, Quantitative Trait Loci and Trait in a Subdivided Population Under Selection. *Genetics* 164: 1205-1219.
- LEDIG, F. T., 1986: Heterozygosity, heterosis, and fitness in outcrossing plants, pp. 77-104 in *Conservation biology: the science of scarcity and diversity*, edited by M. E. Soule, Sinauer Associates, Sunderland/MA.
- MARIETTE, S., J. COTTRELL, U. M. CSAIKL, P. GOIKOECHEA, A. KONIG, A. J. LOWE, B. C. V. DAM, T. BARRENECHE, C. BODENES, R. STREIFF, K. BURG, K. GROPE, R. C. MUNRO, H. TABBENER & A. KREMER, 2002: Comparison of levels of genetic diversity detected with AFLP and microsatellite markers within and among mixed *Q. petraea* (Matt.) Liebl. and *Q. robur* L. stands. *Silvae Genetica* 51: 72-79.
- MÜLLER-STARCK, G., 1987: Genetic differentiation among seed samples from provenances of *Pinus sylvestris* L. *Silvae Genetica* 36: 232-238.
- MÜLLER-STARCK, G. & M. ZIEHE, 1991 *Genetic variation in European populations of forest trees*. J.D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main Germany.

- NEALE, D. B. & O. SAVOLAINEN, 2004: Association genetics of complex traits in conifers. *Trends in Plant Science* 9: 325-330.
- NYBOM, H., 2004: Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Molecular Ecology* 13: 1143-1155.
- PALME, A. E., Q. SU, A. RAUTENBERG, F. MANNI & M. LASCoux, 2003: Postglacial recolonization and cpDNA variation of silver birch, *Betula pendula*. *Molecular Ecology* 12: 201-212.
- PERSSON, B. & A. PERSSON, 1997: Variation in stem properties in a IUFRO 1964/1968 *Picea abies* provenance experiment in southern Sweden. *Silvae Genetica* 46: 94-101.
- PETIT, R. J., S. BREWER, S. BORDACS, K. BURG, R. CHEDDADI, E. COART, J. COTTRELL, U. M. CSAIKL, B. VAN DAM, J. D. DEANS, S. ESPINEL, S. FINESCHI, R. FINKELDEY, I. GLAZ, P. G. GOICOECHEA, J. S. JENSEN, A. O. KONIG, A. J. LOWE, S. F. MADSEN, G. MATYAS, R. C. MUNRO, F. POPESCU, D. SLADE, H. TABBENER, S. G. M. DE VRIES, B. ZIEGENHAGEN, J. L. DE BEAULIEU & A. KREMER, 2002: Identification of refugia and post-glacial colonisation routes of European white oaks based on chloroplast DNA and fossil pollen evidence. *Forest Ecology and Management* 156: 49-74.
- RASPE, O., P. SAUMITOU-LAPRADE, J. CUGUEN & A. L. JACQUEMART, 2000: Chloroplast DNA haplotype variation and population differentiation in *Sorbus aucuparia* L. (Rosaceae : Maloideae). *Molecular Ecology* 9: 1113-1122.
- SAVOLAINEN, O., F. BOKMA, R. GARCIA-GIL, P. KOMULAINEN & T. REPO, 2004: Genetic variation in cessation of growth and frost hardiness and consequences for adaptation of *Pinus sylvestris* to climatic changes. *Forest Ecology and Management* 197: 79-89.
- SCHOPPA, F. N. & H.-R. GREGORIUS, 1999: Folgewirkungen wald- und forstgeschichtlicher Entwicklungen für die aktuelle genetische Zusammensetzung unserer Waldbaumpopulationen, pp. 140-278 in *Wichtige Einflussfaktoren auf die Biodiversität in Wäldern*, edited by B. DEGEN, Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Hamburg.
- SINCLAIR, W. T., J. D. MORMAN & R. A. ENNOS, 1999: The postglacial history of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in western Europe: evidence from mitochondrial DNA variation. *Molecular Ecology* 8: 83-88.
- STEPHAN, B. R. & M. LIESEBACH, 1996: Results of the IUFRO 1982 Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) provenance experiment in southwestern Germany. *Silvae Genetica* 45: 342-349.
- VETTORI, C., G. G. VENDRAMIN, M. ANZIDEI, R. PASTORELLI, D. PAFFETTI & R. GIANNINI, 2004: Geographic distribution of chloroplast variation in Italian populations of beech (*Fagus sylvatica* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 109: 1-9.
- WEIR, B. S., 1996: *Genetic data analysis II*. Sinauer Associates, Sunderland.

Genetische Differenzierung von Nutztierassen und -populationen

Genetic differentiation of livestock breeds and populations

OTTMAR DISTL¹

Zusammenfassung

Für die Erzeugung tierischer Produkte wurden weniger als 30 Tierarten domestiziert. Etwa 90% der tierischen Erzeugnisse stammen von weniger als 14 Tierarten. Im Laufe des Domestikationsprozesses hat sich infolge geographischer Isolierung, der Verwendung verschiedener Ausgangstiere und der züchterischen Bearbeitung durch den Menschen eine Vielzahl von Rassen, Schlägen und Populationen entwickelt. So sind in dem *Domestic Animal Diversity Information System* (DAD-IS) mehr als 4000 Haustierrassen für die 14 Spezies verzeichnet. In der *Animal Genetic Data Bank of the European Association for Animal Production* (ADGB-EAAP) ist eine semiquantitative Bewertung aller Rassen vorgesehen. Würde dieses System weiterentwickelt, so könnte auch eine relative Bewertung von besonderen Eigenschaften der Rassen unter speziellen ökologischen Bedingungen und marginalen Standorten erfolgen. Für die genetische Differenzierung von Haustierrassen werden heute zunehmend molekulargenetische Methoden eingesetzt. Am weitesten verbreitet sind hier Mikrosatellitenmarker und mitochondriale DNA-Sequenzen aus der D-loop Region. Für die Schätzung der genetischen Diversität eignen sich am besten hochpolymorphe Markersysteme, die keinem Selektionsdruck unterliegen. Die Begründung dafür ist darin zu sehen, dass die genetische Diversität vorwiegend als eine Funktion von Verwandtschaft zwischen den Tieren, Mutation, Drift und Migration anzusehen ist. Der Einfluss von Selektion auf die molekulargenetische Divergenz von Haustierrassen und -populationen wurde bisher noch wenig untersucht. Ein Beispiel für einen kodierenden Genort, der unter einem großen natürlichen Selektionsdruck steht und einen hohen Polymorphiegrad in den kodierenden Bereichen aufweist, stellt das ovine Prion Protein Gen dar. In diesem Beitrag werden einige Beispiele zur genetischen Differenzierung von Haustierrassen gegeben. Für die genetische Charakterisierung von Haustierrassen ist ein Set von Merkmalen heranzuziehen. Neben den phänotypischen Merkmalen verdienen auch zuchtgeschichtliche Aufzeichnungen und möglichst vollständige Pedigrees Beachtung. Die alleinige Verwendung von molekulargenetischen Markern ist nicht ausreichend, wenn auch zunehmend mehr und vollständigere Informationen aus dem Genom der Nutztiere zur Verfügung stehen. Auch empfiehlt es sich, die phänotypischen Unterschiede zwischen in ihrem Bestand bedrohten Rassen und intensiv genutzten Rassen mittels molekulargenetischen Methoden aufzuklären. Hier

¹ Tierärztliche Hochschule Hannover
Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung
Bünteweg 17 p
30559 Hannover

bieten sich Expressionsprofile für eine hohe Anzahl von Genen an, um die Variation innerhalb und zwischen Rassen zu quantifizieren.

Summary

Humans have been engaged in the domestication of animals for at least 12,000 years. However, use of only 30 mammalian and avian species has been made of the earth's total animal genetic diversity including more than 50,000 known mammalian and avian species. Fewer than 14 species account for over 90 percent of global livestock production. Geographical isolation, regional conditions, different selection pressures and differences in founder animals have resulted in the development of a large variety of domestic breeds. The Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS) has established a global strategy for farm animal genetic resources and in its database more than 4,000 domestic breeds of 14 species are registered.

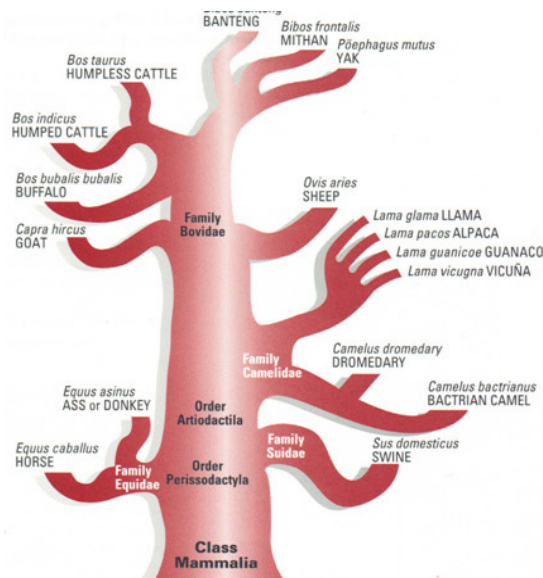
The European inventory for livestock breeds is located at the University of Veterinary Medicine Hannover and operated through the Animal Genetic Data Bank of European Association for Animal Production (ADGB-EAAP). This system also allows a semi-quantitative evaluation of breeds for their specific characteristics with regard to marginal and ecological conditions. Molecular genetic methods are more and more intensely used to evaluate biodiversity in farm animals. Microsatellite markers and mitochondrial d-loop sequences are most often used as these genetic polymorphisms are not exposed to selection forces. So these markers display mainly genetic drift, migration and mutation events. It is difficult to investigate the influence of selection on genetic diversity. An example for long lasting selection forces on the coding sequence of a gene may be seen the ovine prion protein gene. Some examples for the genetic diversity and differentiation of domestic breeds are given in this contribution. In order to characterise genetic diversity of breeds, historical and pedigree data should be used as well as phenotypic and molecular genetic information. Phenotypic differences among and within breeds should be analysed by using DNA based methods and expression profiles for many genes.

1 Einleitung

Die Domestikation der Haustiere begann vor mehr als 12.000 Jahren. In dieser Zeit hat der Mensch von den insgesamt bei Vögeln und Säugetieren bekannten 50.000 Tierarten nur weniger als 30 für die landwirtschaftliche Nutzung domestiziert. Heute wird mit nur 14 Tierarten mehr als 90% der tierischen Produktion erzeugt (Abb. 1). Im Laufe der Domestikation haben sich durch geographische Isolation, Selektions- und Anpassungsprozesse an landwirtschaftliche Produktionsformen mehr als 5.300 Rassen entwickelt. So sind heute im *Domestic Animal Diversity Information System* (DAD-IS) mehr als 4.000 Haustierrassen registriert. Die Zahl dürfte allerdings noch höher sein, da in vielen Entwicklungsländern lokale Schläge und Rassen nur teilweise erfasst und charakterisiert wurden.

In dem Beitrag sollen kurz der Umfang der genetischen Ressourcen in Europa angesprochen werden, die genetischen Differenzierungsmöglichkeiten erläutert und einige Beispiele für die genetische Diversität von Haustierrassen gegeben werden.

Entwicklung der Genetischen Vielfalt von Nutzierrassen



Aus 14 domestizierten Spezies wurden mehr als 4.000 Rassen innerhalb von 12.000 Jahren entwickelt

Abb. 1: Entwicklung der Haustierarten

Fig. 1: Development of livestock species

2 Monitoring und Bewertung der genetischen Diversität von Haustierrassen in Europa

In den hochindustrialisierten westlichen Ländern werden nur wenige Tierarten intensiv für die Landwirtschaft genutzt. Von diesen 5300 Haustierrassen sind nach Schätzungen der FAO, Rom, bereits 30% in ihren Beständen so gefährdet, dass sie auszusterben drohen. Mit dem Vordringen der Urbanisierung und dem Übergang zu Industriegesellschaften nimmt die bäuerliche Bevölkerung ab und damit gehen ebenfalls die Haustierrassen verloren. Um diesen Entwicklungen entgegen zu wirken, ist es notwendig, globale Strategien zur Konservierung und effizienten Nutzung von Haustierrassen zu entwickeln. Ein wesentlicher Bestandteil dieser globalen Strategie ist es, die hohe Bedeutung der tiergenetischen Ressourcen der Öffentlichkeit zu vermitteln und einen kontinuierlichen Informationsfluss über die Umfänge der Bestände, den Gefährdungsstatus, die vielseitigen Nutzungsmöglichkeiten und den genetischen Wert der Haustierrassen weltweit aufzubauen. Die

Keimzelle für diese Entwicklung war die *Animal Genetic Data Bank of the European Association for Animal Production* (EAAP-AGDB), die von Prof. D. Simon am Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung der Tierärztlichen Hochschule Hannover aufgebaut wurde. Nach Erhebungen über den Zustand der europäischen Haustierrassen in den Jahren 1982 und 1985 wurden diese Daten in die EAAP-AGDB an der Tierärztlichen Hochschule Hannover im Jahre 1987 überführt. Die weltweite Fortführung dieses Projektes wurde von der FAO in Rom übernommen und dort wurde 1992 das *Domestic Animal Diversity Information System* (DAD-IS) etabliert.

Struktur der EAAP-AGDB

EAAP-ANIMAL GENETIC DATA BANK
of the
EUROPEAN ASSOCIATION FOR ANIMAL PRODUCTION

Commission of Animal Genetics at the
Department of Animal Breeding and Genetics
School of Veterinary Medicine Hannover
P.O.Box 71 11 80, D-30545 Hannover, Germany
email: Joern.Wrede@tiho-hannover.de, Fax: +49/511-953-8582

The data bank monitors information on breeds and country populations
- of the farm animal species buffalo, cattle, goat, sheep, horse, ass, pig, rabbits
- in 46 EAAP member countries and other European countries
to keep watch on development, change and risk of extinction,
to encourage use and conservation of animal genetic diversity.
You have three modes of direct access for breed information

- country-by-species tables: [total database](#), [European countries](#), [EU member countries](#)
- [groups of similar breeds](#)
- [search for breeds](#)

Abb. 2: Titelseite für die Animal Genetic Data Bank of the European Association for Animal Production (EAAP-AGDB)

Fig. 2: Title page of the Animal Genetic Data Bank of the European Association for Animal Production (EAAP-AGDB)

Die Information über die genetische Diversität der Haustierrassen in Europa kann über vier verschiedene Wege präsentiert werden (Abb. 2):

- Alphabetisches Register der Haustierrassen einschließlich deren lokalen Bezeichnung, dazugehörige Spezies und Herkunftsland sowie international gebräuchliche Namen.

- Gruppen von ähnlichen Rassen. Hier werden Rassen aufgrund ihrer Genealogie, Geschichte, typischen Exterieurmerkmale in Gruppen zusammengefasst.
- Gruppierung der Rassen nach ihrem Gefährdungsstatus. Die Kriterien sind potenziell gefährdet, minimal gefährdet, gefährdet und kritisch gefährdet. Die Abgrenzung dieser Klassen erfolgt separat für jede Tierart und basiert auf dem erwarteten Inzuchtzuwachs in den nächsten 50 Jahren. Der erwartete Inzuchtzuwachs wird aus dem Generationsintervall sowie der Anzahl verfügbarer weiblicher und männlicher Zuchttiere (effektive Populationsgröße) abgeleitet. Als Grenze der Gefährdung wird ein Inzuchtzuwachs von mehr als 5% in 50 Jahren angesehen.
- Gruppierung der Haustierrassen nach spezifischen Kriterien, die rassenspezifische Merkmale oder Populationsgrößen umfassen können.

Verfügbare Informationen in der EAAP-AGDB

Alle Informationen zu den jeweiligen einzelnen Rassen können entweder durch den Aufruf der Rassebezeichnung oder aus den vorsortierten Listen durch Anklicken der Rassebezeichnung am Bildschirm angezeigt oder ausgedruckt werden.

Die Information über die einzelnen Rassen ist in sieben verschiedenen Blöcken angeordnet:

- (1) Allgemeine Informationen zur Bezeichnung, Herkunft, züchterischen Betreuung der Rasse und der Informationsquelle für die Daten
- (2) Ursprung und Entwicklung der Rasse
Hier werden die Ursprungszuchtgebiete und die an der Entstehung beteiligten Rassen oder Schläge sowie Einkreuzungsphasen mit anderen Rassen vermerkt. In diesem Abschnitt befinden sich die Populationszahlen. Wichtig ist hierbei die Unterscheidung zwischen Herdbuchtieren und der Gesamtzahl der weiblichen Tiere sowie der Zuchttiere in Reinzucht. Die Trendangabe für die Anzahl der weiblichen Tiere und die Anzahl der Herden, in denen die weiblichen Tiere gehalten werden, soll mit zur Abschätzung des Gefährdungsstatus einer Rasse dienen. Die Angaben zur Einlagerung von Samen und Embryonen sind weitere wichtige Angaben zu Konservierungsmaßnahmen bei der jeweiligen Rasse.
- (3) Beschreibung der Rasse
In diesem Abschnitt werden vorwiegend äußerlich erkennbare rassenspezifische Merkmale erfasst. Weiterhin können auch molekular- und zytogenetisch charakterisierte Rassebesonderheiten festgehalten werden.
- (4) Rassenspezifische Eigenschaften
Neben den Hauptnutzungsrichtungen einer Rasse sollen hier spezifische Merkmale hinsichtlich Anpassung an bestimmte Standorte, Resistenz gegen Parasiten und infektiöse Krankheitserreger, Fruchtbarkeit und Qualitätseigenschaften der gewonnenen Produkte vermerkt werden. Nach Möglichkeit sollen auch die hierzu publizierten Berichte angegeben werden.

- (5) Managementbedingungen
- (6) Beschreibung der Leistungseigenschaften
Für die in der Tierzucht gebräuchlichen Leistungsmerkmale wird die Leistung der Rasse in Relation zu einer als Standard ausgewählten Rasse angegeben. Die relativen Leistungsangaben ermöglichen eine Rangierung der Rassen nach ihren Leistungseigenschaften über unterschiedliche Umgebungen und Länder. Zugleich kann auf das ungefähre absolute Niveau einer Rasse zurückgeschlossen werden, da die absolute Leistung der Referenzrasse auch angegeben wird und der relative Vergleich in prozentualen Abstufungen erfolgt. Eine zusätzliche Evaluierung der relativen Leistungsvergleiche wird über eine Bewertung der Umweltbedingungen in Relation zu der Standardrasse (Referenz) erreicht.
- (7) Zusätzliche Informationen
Im letzten Abschnitt können Angaben über molekulargenetische Daten zur Diversität einer Rasse, insbesondere genetische Distanzmaße und DNA-Sequenzdaten, sowie besondere Programme zur Erhaltung einer Rasse gemacht werden.

Bisher gespeicherte Informationen über europäische Haustierrassen

Die EAAP-AGDB enthält bisher 1976 Rassen aus 46 Ländern. In den Ländern der Europäischen Union (15 bzw. 25 Länder) wurden 1420 bzw. 1618 Rassen der Tierarten Rind, Pferd, Schwein, Schaf, Ziege, Esel, Büffel und Kaninchen registriert (Tab. 1).

Eine Klassifizierung nach dem Gefährdungsstatus der Rassen innerhalb der EU entsprechend den Tierarten enthält Tab. 2.

Weiterentwicklung der EAAP-AGDB

In einem von der EU finanzierten Projekt soll die EAAP-AGDB als regionaler europäischer Datenknotenpunkt im Rahmen des weltweiten Netzes für die Erhaltung der Biodiversität landwirtschaftlicher Nutztiere weiterentwickelt werden. Damit soll dann auch gewährleistet werden, dass die EAAP-AGDB auf der einen Seite direkt mit DAD-IS und auf der anderen Seite mit den nationalen Datenbanken kommunizieren kann. Weiterhin soll das Datennetzwerk so flexibel gestaltet werden, dass spezielle Informationsinhalte auf den nationalen Ebenen sowie der europäischen Ebene hinzugefügt werden können, die nicht in die weltweite Datenbank DAD-IS übertragen werden.

Tab. 1: Übersicht über die Anzahl der registrierten Rassen (n = 1618) in der EAAP-AGDB für die 25 Mitgliedsländer der Europäischen Union

Tab. 1: Survey of the number of breeds registered (n = 1618) in the EAAP-AGDB of the 25 member countries of the EU

Land	Tierart							
	Esel	Büffel	Rind	Ziege	Pferd	Schwein	Kaninchen	Schaf
Österreich	0	0	11	3	8	2	0	4
Belgien	0	0	11	4	6	3	71	14
Zypern	0	0	2	3	2	3	0	3
Tschechische R.	0	0	16	2	6	6	2	18
Dänemark	0	0	16	4	15	6	1	16
Estland	0	0	3	1	3	2	0	2
Finnland	0	0	4	1	11	2	0	2
Frankreich	7	0	52	9	37	41	15	58
Deutschland	0	0	51	26	110	16	0	54
Griechenland	0	1	4	2	6	1	0	16
Ungarn	0	0	1	0	6	1	1	4
Irland	0	0	14	1	7	3	0	14
Italien	8	0	34	53	26	19	5	63
Lettland	0	0	1	0	0	1	0	0
Litauen	0	0	4	0	1	2	0	2
Luxemburg	0	0	4	0	3	1	10	1
Malta	0	0	0	0	0	0	1	0
Niederlande	0	1	27	14	25	22	0	31
Polen	0	0	4	0	2	8	9	8
Portugal	0	0	10	4	3	2	0	10
Slowakei	0	0	11	1	10	8	0	13
Slowenien	0	0	6	4	2	7	0	6
Spanien	1	0	34	18	1	13	1	37
Schweden	0	0	15	2	22	5	0	14
Großbritannien	0	0	36	4	11	14	0	56
Gesamt	16	2	371	156	323	188	116	446

Tab. 2: Übersicht über den Gefährdungsstatus der Rassen in den 25 Mitgliedsländern der Europäischen Union*Tab. 2: Survey of the endangerment status of breeds registered in the 25 member countries of the EU*

Land	kritisch gefährdet	gefährdet	gering gefährdet	potenziell gefährdet	nicht gefährdet	nicht definiert	unbekannt
Österreich	2	3	1	2	4	12	4
Belgien	7	1	1	2	10	33	66
Zypern	0	0	0	0	2	11	0
Tschechische R.	1	1	0	1	1	38	8
Dänemark	2	0	0	1	0	53	2
Estland	1	0	0	0	0	10	0
Finnland	0	0	0	3	4	13	0
Frankreich	7	1	8	23	79	79	22
Deutschland	9	6	5	15	47	164	11
Griechenland	2	1	1	1	17	3	5
Ungarn	0	0	0	4	5	2	2
Irland	0	0	0	2	4	33	0
Italien	12	3	9	16	39	103	26
Lettland	0	0	0	0	2	0	0
Litauen	2	2	0	2	2	1	0
Luxemburg	1	0	0	0	0	9	9
Malta	0	0	0	0	0	0	1
Niederlande	1	3	4	11	32	62	7
Polen	1	1	2	1	4	11	11
Portugal	0	0	1	3	13	12	0
Slowakei	1	0	0	1	0	41	0
Slowenien	0	1	0	0	1	22	1
Spanien	6	2	2	5	21	64	5
Schweden	0	0	1	4	5	48	0
Großbritannien	0	0	1	6	53	55	6
Gesamt	55	25	36	103	345	868	186

Der Gefährdungsstatus wird über den erwarteten Inzuchtzuwachs (ΔF) innerhalb von 50 Jahren bei Zufallspaarung definiert:

Kritisch gefährdet: $\Delta F > 40\%$

Gefährdet: $\Delta F = 26 - 40\%$

Gering gefährdet: $\Delta F = 16 - 25\%$

Potenziell gefährdet: $\Delta F = 5 - 15\%$

Nicht gefährdet: $\Delta F < 5\%$

Die notwendige effektive Populationsgröße (N_e), um als nicht gefährdet zu gelten, ist nicht für jede Tierart identisch, da sich die Generationsintervalle unterscheiden. Die kritischen effektiven Populationsgrößen sind demnach für die einzelnen Tierarten:

Pferd/Esel: ≥ 112

Rind: ≥ 140

Schaf: ≥ 201

Ziege: ≥ 201

Schwein: ≥ 304 .

$N_e = (4 \times W \times M) / (W + M)$ mit W = Anzahl weiblicher Zuchttiere, M = Anzahl männlicher Zuchttiere.

Konservierungsprogramme für gefährdete Rassen

Nach dem Bericht der FAO fehlen Konservierungsprogramme für mehr als 2/3 der Rassen, deren Bestände nach den FAO-Kriterien als gefährdet gelten. Als kritische Populationsgröße wurden hier 1000 weibliche Zuchttiere und 20 männliche Zuchttiere angesehen. Das Fehlen von Konservierungsprogrammen bedeutet für diese Rassen, dass sie nicht weiter entwickelt und zu wenig genutzt werden, was wiederum das Risiko erhöht, dass diese Rassen verloren gehen.

Im Wesentlichen werden zwei Hauptkategorien von Konservierungsprogrammen unterschieden:

- *In-situ*-Konservierung: Diese Maßnahmen unterstützen lebende Zuchtpopulationen in ihrer angestammten Umgebung und fördern die landwirtschaftliche Nutzung ihrer Produkte. Auch die Nutzung für Kreuzungszuchtprogramme gehört dazu;
- *Ex-situ*-Konservierung: Das genetische Material wird in vivo konserviert, aber nicht in der Umgebung, in der es entwickelt und üblicherweise gehalten wurde. Dazu gehören das Tiefgefrieren von Samenzellen, Eizellen, Embryonen oder Gewebe sowie das Etablieren von Zellkulturen.

In den meisten Ländern werden beide Arten von Konservierungsprogrammen kombiniert. Die Tiefgefrierlagerung von genetischem Material für in ihrem Bestand gefährdete Rassen wurde in vielen Ländern erst in den letzten Jahren intensiviert. Somit ist zu hoffen, dass mit staatlicher und vor allem privater Unterstützung von NGO's (*non-governmental organizations*) die in vielen Jahrhunderten herausgezüchteten Rassen mit ihren oft einzigartigen Eigenschaften, die in ihrem Genom verankert sind, für die weitere Nutzung durch den Menschen erhalten werden.

3 Quantifizierung der genetischen Diversität von Haustierrassen

Die genetische Diversität kann sowohl mit phänotypischen Merkmalen wie auch mit genetischen Markern oder Genpolymorphismen erfasst werden. Phänotypische Merkmale beruhen entweder auf Merkmalen, mit denen das Aussehen, wie z. B. die Fellfarbe, Größe, bestimmte Typmerkmale oder besondere Charakteristika, beschrieben werden, oder auf Leistungseigenschaften, physiologischen und biochemischen Parametern.

Die am weitesten verbreiteten genetischen Marker für Diversitätsstudien sind Mikrosatellitenmarker (Abb. 3). Mikrosatellitenmarker sind in ihrer Anzahl variable Tandemwiederholungen von meist zwei bis fünf Basenpaaren. Aufgrund ihres hohen Polymorphiegrades und ihrer weiten und zufallsmäßigen Verbreitung im Genom sind sie sehr gut geeignet, die genetische Diversität innerhalb und zwischen Rassen sowie lokalen Schlägen zu differenzieren. Eine weitere wichtige Quelle zur Charakterisierung der genetischen Diversität sind Polymorphismen in der mRNA sowie der mitochondrialen DNA. Hier werden vor allem Mutationen auf Einzelbasen-

basis (*Single nucleotide polymorphisms, SNPs*) verwendet. Die Diversität innerhalb und zwischen Rassen wird an Hand der Allelfrequenzen der Markergenorte geschätzt. Viele Studien an verschiedenen Haustierspezies zeigten, dass die Markerdiversität zwischen den Rassen zwischen 5 und 25% liegt und die Variabilität innerhalb Rassen in dem Größenbereich von 75 bis 95% beträgt. Aus diesem Grunde ist nicht nur die Erhaltung von möglichst genetisch heterogenen Rassen in der Tierzucht wichtig, sondern auch die Diversität innerhalb einer Rasse besitzt eine große Bedeutung.

Genetische Diversität am Beispiel von Kaltblutpferderassen

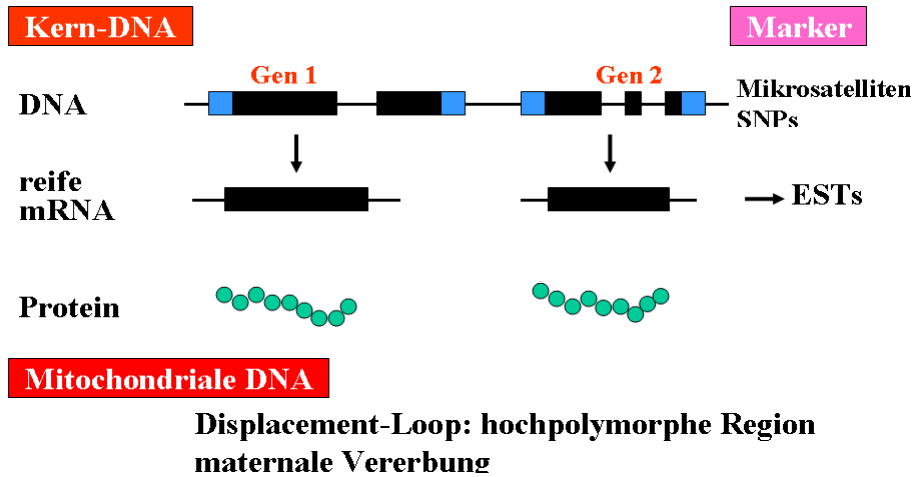
Die wildlebenden Vorfahren der Hauspferde wurden in der freien Wildbahn ausgerottet und nur mehr Nachfahren der im Jahre 1878 entdeckten Wildpferdepopulation der Przewalski-Pferde haben in Zoos als ursprüngliche Wildpferde überlebt. Die Pferde bestimmten seit ihrer Domestikation die Geschichte und Entwicklung der Menschheit entscheidend mit. Der Rückgang der Pferdepopulationen begann in der Mitte des 19. Jahrhunderts, als die Pferde ihre zentrale Rolle beim Transport von Gütern und Menschen zu verlieren begannen. Ein weiterer großer Einschnitt erfolgte zwischen den 1950- und 1970-er Jahren mit der durchgehenden Motorisierung der Landwirtschaft und des Transportwesens. Zu dieser Zeit gingen die Populationszahlen der Kaltblutpferde in allen industrialisierten Ländern dramatisch zurück. Nur durch das Engagement von passionierten Züchtern und staatlichen sowie privaten Unterstützungsprogrammen konnten die Kaltblutpferderassen vor dem Aussterben gerettet werden. In der Warmblutpferdezucht erfolgte damals die konsequente Umzüchtung zu Sportpferden, vor allem für den Reitsport, wodurch die schweren Schläge und die Wagenpferde verdrängt wurden. Das Ziel unserer Arbeit war es, die genetische Diversität von deutschen Kaltblutpferderassen in Relation zum Hannoverschen Warmblut und dem Arabischen Vollblut sowie zu Primitivpferden und den Nachfahren des *Equus ferus przewalskii* mit molekulargenetischen Methoden zu untersuchen.

Auswahl der Kaltblutpferderassen

Für genetische Diversitätsstudien sollten die dafür ausgewählten Tiere eine möglichst repräsentative Stichprobe ihrer Rasse darstellen und möglichst alle Zuchtlinien repräsentieren. Um in dieser Hinsicht geeignete Stichproben aus den deutschen Kaltblutpferderassen auswählen zu können, wurden Analysen der Populationsstruktur durchgeführt. Dabei wurden Inzucht, Verwandtschaftsverhältnisse, effektive Populationsgröße, Genbeiträge anderer Rassen und Einflüsse von Hengstlinien untersucht (Tab. 3).

Genetische Differenzierung von Nutzierrassen - Voraussetzungen -

(3) Markersysteme - molekulargenetische Marker



Charakterisierung der molekulargenetischen Marker

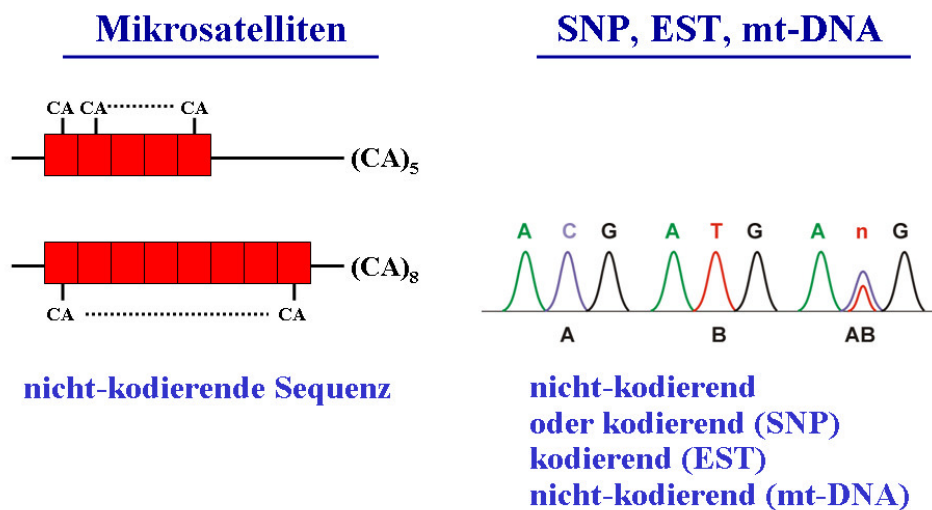


Abb. 3: Genetische Markersysteme
Fig. 3. Genetic marker systems

Tab. 3: Populationsgröße (N), effektive Populationsgröße (N_e) und mittlerer Inzuchtkoeffizient (F) für die untersuchten Kaltblutpferderassen

Tab. 3: Population size (N), effective population size (N_e) and mean inbreeding coefficient (F) for the breeds investigated

Rasse	N	N _e	F (%)
Süddeutsches Kaltblut	2110	413	2,79
Rheinisch-Deutsches Kaltblut	850	300	1,53
Schwarzwälder Kaltblut	799	184	5,75
Sächsisch-Thüringisches Kaltblut	358	113	2,13
Schleswiger Kaltblut	231	89	4,68
Mecklenburger Kaltblut	131	34	2,61

$N_e = (4 \times W \times M) / (W + M)$; W = Anzahl weiblicher Zuchttiere, M = Anzahl männlicher Zuchttiere.

Das Süddeutsche Kaltblut umfasst die Ende des 19. Jahrhunderts bekannten Norikerschläge des leichteren Oberländers und des schwereren Pinzgauers. Angeblich sollen die Norikerpferde auf die römische Pferdezucht in der damaligen Provinz Noricum zurückgehen. In dem Pinzgauerschlag wurden wenig Fremdrassen eingekreuzt, während beim Oberländer mehrere, auch edelblütigere Rassen zur Einkreuzung verwendet wurden. Der größte Populationsumfang des Süddeutschen Kaltbluts wurde mit 36.758 eingetragenen Stuten 1949 erreicht. Infolge der Motorisierung der Landwirtschaft blieb 1976 nur mehr ein Restbestand von 568 eingetragenen Stuten übrig. Danach setzte bereits wieder ein Aufwärtstrend ein. So erreichte das Süddeutsche Kaltblut 1985 einen Bestand von ca. 1000 eingetragenen Stuten und im Jahre 2003 von ca. 2000 eingetragenen Stuten.

Das Rheinisch-Deutsche Kaltblut gehört zu den schweren Kaltblutrassen, die früher in Deutschland sehr weit verbreitet waren. Für die Entstehung dieser Rasse war der Beitrag des Belgischen Kaltbluts entscheidend. Das erste Zuchtbuch für das Rheinisch-Deutsche Kaltblut wurde 1892 gegründet. Von ihrem nordrheinischen Ursprungsgebiet verbreitete sich die Rasse vorwiegend über ganz Nord- und Ostdeutschland. Das Sächsisch-Thüringische, Altmärkische und Mecklenburger Kaltblut gehören zuchtgeschichtlich zum Rheinisch-Deutschen Kaltblut. Diese letzten drei Rassen wurden in der früheren DDR nicht als getrennte Populationen geführt. Die höchsten Populationszahlen wurden ähnlich wie für das Süddeutsche Kaltblut 1946 mit 25.022 eingetragenen Stuten festgestellt. In den 1970-er Jahren sank der Bestand des Rheinisch-Deutschen Kaltbluts auf einige hundert Tiere. Nach wie vor gilt diese Kaltblutpferderasse als in ihrem Bestand gefährdet. Ebenso umfassen die ostdeutschen Ableger des Rheinisch-Deutschen Kaltbluts nur mehr wenige hundert (Sächsisch-Thüringisches Kaltblut) oder nur ca. 130 bis 140 Zuchtstuten.

Das Schwarzwälder Kaltblut hat seinen Ursprung im Wälderpferd der Landwirte im Schwarzwald. Es gehört zu der Gruppe der Norikerpferde, wurde aber durch viele andere Rassen beeinflusst. Diese Rasse blieb vorwiegend auf ihr Ursprungsgebiet begrenzt und erreichte mit 1.234 eingetragenen Stuten nach 1945 den größten Populationsumfang.

Die Heimat des Schleswiger Kaltblutpferds liegt in Schleswig-Holstein. An seiner Entstehung waren das Bauernlandpferd und das Jütländer Kaltblut sowie weitere Rassen aus Dänemark und England beteiligt. Trotz des großen Populationsumfangs mit ca. 32.000 eingetragenen Stuten kurz nach 1945 sanken die Populationszahlen in den folgenden Jahren dramatisch ab. 1976 wurden nur mehr ca. 60 Stuten registriert. Auch heute noch sind die Populationszahlen sehr gering.

Molekulargenetische Analysen mittels Mikrosatelliten

Für die Genotypisierung wurden die Pferde nach folgenden Kriterien ausgewählt: sie sollten zu einem hohen Anteil reinrassigen Ursprungs und möglichst unverwandt sein. Dabei wurde beim Schwarzwälder und Süddeutschen Kaltblut vor allem auch darauf geachtet, dass die etablierten Hengstlinien entsprechend ihrer Größe gleichmäßig in der Stichprobe vorhanden sind. Da viele Rheinisch-Deutsche Kaltblutzüchter in den letzten Jahren auf Zuchtmaterial aus Ostdeutschland zurückgegriffen hatten, wurden nur Tiere ausgewählt, die über mindestens vier Generationen in ihren Pedigrees keine ostdeutschen Schläge aufwiesen. Pro Kaltblutrassen wurden so 45 Tiere zur Genotypisierung mit Mikrosatellitenmarkern herangezogen, wobei das Sächsisch-Thüringische und Mecklenburger Kaltblut zu gleichen Teilen in einer Gruppe zusammengefasst wurden.

Wegen ihrer unterschiedlichen Entstehungs- und Entwicklungsgeschichte wurden sechs weitere Pferderassen in die Untersuchung aufgenommen: das Island (N = 45), Sorraia (N = 23) und Przewalski Pferd (N = 20), das Exmoor Pony (N = 20), das Arabische Vollblut (N = 26) und das Hannoversche Warmblut (N = 47). Insgesamt wurden 405 Pferde mit Hilfe von Mikrosatellitenmarkern typisiert. Einige Vertreter dieser Rassen zeigt Abb. 4. Das Markerset umfasste alle Autosomen und war möglichst polymorph. Die 31 anonymen Mikrosatellitenloci (*AHT34*, *ASB17*, *COR007*, *COR017*, *COR018*, *COR022*, *COR024*, *COR045*, *COR056*, *COR058*, *COR069*, *COR070*, *COR071*, *COR082*, *HMS03*, *HMS07*, *HTG03*, *HTG06*, *LEX07*, *LEX33*, *LEX34*, *LEX63*, *LEX68*, *LEX73*, *SGCV16*, *SGCV28*, *TKY019*, *UCDEQ425*, *UM011*, *VHL20*, *VHL209*) repräsentieren jeweils ein Autosom. Die PCR-Fragmente wurden mit Hilfe eines automatischen Sequenziersystems (LI-COR 4200/S2) aufgetrennt, woraufhin die visuelle Auswertung der Allele erfolgte. Zur weiteren Analyse wurden zunächst die durchschnittliche Anzahl der Allele und die Allelfrequenzen in den Populationen errechnet.



Süddeutsches Kaltblut



Rheinisch-Deutsches Kaltblut



Schwarzwälder Kaltblut



Schleswiger Kaltblut



Mecklenburger Kaltblut



Sächsisch-Thüringisches Kaltblut



Sorraia-Pferd



Przewalski-Pferd

Abb. 4: Einige Vertreter der untersuchten Pferderassen
Fig. 4: A few horse breeds included in the investigation

Zur Messung der genetischen Diversität in den jeweiligen Populationen wurden die durchschnittliche Anzahl der Allele sowie die beobachtete (H_O) und erwartete Heterozygotie (H_E) herangezogen. Zur Abschätzung der genetischen Distanzen zwischen den Populationen wurden die Chord Distanz von Cavalli-Sforza (D_C) und die häufiger gebräuchliche Nei's Standarddistanz (D_S) verwendet. Basierend auf der D_C Matrix wurden unter Verwendung der Neighbor-Joining Methode Distanzbäume erstellt, deren Stabilität mittels Bootstrap-Verfahren (1000 Wiederholungen) geprüft wurde. Eine zweidimensionale Abbildung der Distanzmatrix wurde ebenfalls mit Hilfe des Bootstrap-Verfahrens (1000 Wiederholungen) in Form von Kreisen konstruiert (Abb. 5). Die Kreise entsprechen einem Vertrauensbereich von 95%, d.h. je kleiner die Kreise sind, desto höher ist die Stabilität der untersuchten Stichproben.

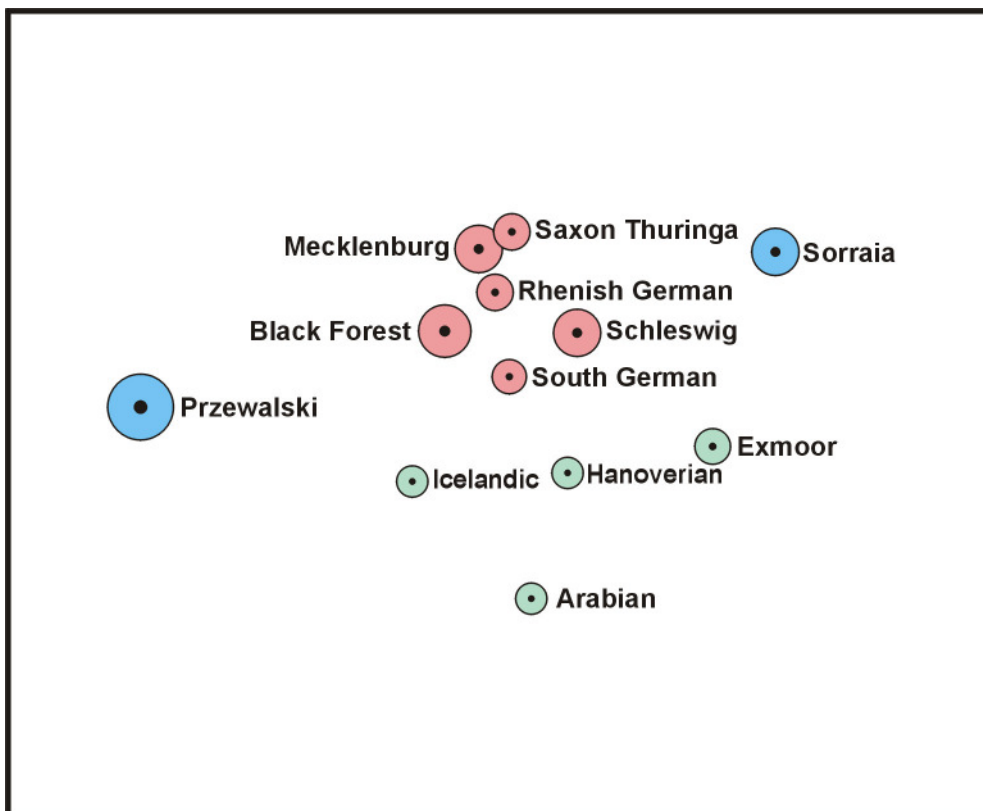


Abb. 5: Zweidimensionale Darstellung der genetischen Distanzen nach Cavalli-Sforza für 12 Pferderassen. Die Kreise geben das 95%-Konfidenzintervall auf der Basis eines Bootstrap-Verfahrens an.

Fig. 5: Phylogenetic tree constructed from genetic distance matrices according to Cavalli-Sforza showing genetic relationships among 12 horse breeds. Numbers represent the percentage of times that a node occurred in 1,000 bootstrap replicates.

Die genetische Variabilität innerhalb der Kaltblutrassen war trotz der kürzlich erfolgten Populationsreduktion und der teilweise sehr hohen Inzuchtkoeffizienten relativ hoch (H_O zwischen 63,5 und 71%; 5,4 bis 6,3 Allele pro Locus). Bei den Kaltblutrassen konnte 11,6% der Variabilität der Mikrosatellitenmarker auf Rassenunterschiede zurückgeführt werden, während folglich 88,4% der Variabilität innerhalb der Kaltblutrassen zu finden war. Überraschenderweise ließen sich das

Mecklenburger und Sächsisch Thüringische Kaltblut zwar nicht untereinander genetisch differenzieren, zeigten aber signifikante genetische Unterschiede zum Rheinisch-Deutschen Kaltblut, von dem sie nur über die Zeit des Bestehens der DDR isoliert waren. Bereits 40 Jahre getrennte Zuchtgeschichte reichten somit aus, um zwei unter genetischen Gesichtspunkten voneinander abgrenzbare Populationen entstehen zu lassen. Das bedeutet, dass die Definition eines eigenständigen Rassenbegriffs für die ostdeutschen Populationen unabhängig vom Rheinisch-Deutschen Kaltblut durchaus möglich wäre.

Sowohl im Neighbor-Joining Baum als auch in der zweidimensionalen Darstellung war eine deutliche Gruppierung der Kaltblutrassen abgesetzt von den übrigen untersuchten Pferderassen erkennbar. Die Anordnung der Rassen spiegelte die Zuchtgeschichte relativ gut wieder. Einzig die Distanz zwischen Süddeutschem und Schwarzwälder Kaltblut erschien erstaunlich groß, wenn man bedenkt, dass sowohl das Schwarzwälder als auch das Süddeutsche Kaltblut sehr stark von Noriker Einflüssen geprägt wurde. Am weitesten entfernt von den übrigen Kaltblutrassen lag das Schleswiger Kaltblut.

Die genetische Variabilität zwischen den Warmblut- und Primitivrasen und dem Przewalski-Pferd war zu ca. 21% auf die Diversität zwischen den Rassen zurückzuführen. Das Hannoversche Warmblut zeigte mit Abstand die höchste Variabilität unter allen untersuchten Rassen ($H_O = 74\%$; 6,7 Allele pro Locus), während die Diversität der übrigen Pferdepopulationen deutlich unter den Werten der Kaltblutrassen lag. Am geringsten war sie beim Przewalski Pferd ($H_O = 47\%$; 3,8 Allele pro Locus), gefolgt vom Sorraia Pferd ($H_O = 53\%$; 3,4 Allele pro Locus). Diese Beobachtung zeigt, dass die Regenerationszucht aus sehr kleinen Restbeständen und die weitere Zucht in kleinen, streng isolierten Herden zum Verlust der genetischen Vielfalt und zum Entstehen großer genetischer Distanzen zu anderen Rassen führt. In den graphischen Darstellungen der Distanzmatrix ist das Przewalski Pferd daher wie erwartet am weitesten entfernt von allen anderen Populationen zu finden. Das Exmoor Pony, das Arabische Vollblut, das Island Pferd und das Hannoversche Warmblut gruppieren sich in einem lockeren Verbund, während sich das Sorraia Pferd von dieser Gruppe deutlich absetzt. Die größte Distanz bestand zwischen dem Przewalski und Sorraia Pferd.

Molekulargenetische Untersuchungen mittels mt-DNA

Um die genetische Variabilität der Rassen in einem phylogenetisch weiteren Kontext zu untersuchen, wurde ein 664 bp großes Fragment der D-loop Region der mitochondrialen DNA (mt-DNA) von drei bis sechs Pferden pro Population sequenziert. Hinzugefügt wurden 16 Sequenzen aus der GenBank (NCBI), die die untersuchten Rassen repräsentierten, sowie von drei weiteren Pferderassen, dem Suffolk, Belgischen Kaltblut und Shire Horse, so dass sich die Gesamtzahl auf 65 Tiere aufsummierte.

Von den insgesamt 47 gefundenen Haplotypen entfielen 24 auf die Kaltblutrassen. Gemeinsame Haplotypen traten zwischen dem Hannoverschen Warmblut, Island Pferd und Rheinisch-Deutschem Kaltblut auf. Außerdem teilten sich ein Belgisches

und ein Süddeutsches Kaltblutpferd einen Haplotypen. Beim Przewalski Pferd wurden vier Haplotypen gefunden. Beim Sorraia Pferd wurde auch der portugiesische Haplotyp in der deutschen Population gefunden.

Die Kaltblutpferde waren im Neighbor-Joining Baum über alle vier Cluster verteilt. Einzig die drei Belgischen Pferde sowie acht von neun Exmoor Ponies wurden in einer Gruppe zusammen angeordnet.

Da keine klare Gliederung der Kaltblutpferde zu erkennen war, ist es wahrscheinlich, dass diese Rassen auf viele verschiedene Mutterlinien zurückgehen und die Entstehung der Kaltblutrassen auf viele verschiedene Ursprünge zurückzuführen ist.

Diskussion der Ergebnisse

Die Ergebnisse verdeutlichen somit, dass die 30 ausgewählten Mikrosatellitenmarker sehr gut geeignet sind, um die Größenordnung, die Entstehung und auch die mögliche Beeinträchtigung der genetischen Variabilität des Pferdes abzuschätzen. Die Kaltblutrassen bildeten ein eigenes Gefüge in der großen Gruppe der verschiedenen Pferderassen aus unterschiedlichen Regionen. Darüber hinaus war die Ähnlichkeit der Rassen auf molekulargenetischer Ebene weitaus größer als es die aus den Pedigrees resultierenden Verwandtschaftskoeffizienten vermuten ließen. Obwohl weitgehend jede deutsche Kaltblutrassen von ausländischen Kaltblutpopulationen beeinflusst wurde, liegt somit eine große Anzahl gemeinsamer Vorfahren vor, die zu einem eigenständigen Rassenprofil führte. Bei der Betrachtung der mt-DNA D-loop Sequenzen zeigte sich vor allem die Migration von Tieren aus verschiedenen Kontinenten in den letzten Jahrtausenden, wodurch eine Vermischung der frühen Schläge entstand. Wie diese Vermischung geschah, lässt sich heute nicht mehr vollständig nachvollziehen. Könnten aus archäologischen Funden mt-DNA Urtypen festgelegt werden, dann ließe sich die Verbreitung und der Ursprung der einzelnen Rassen eher nachvollziehen.

Trotz der kürzlich erfolgten Reduktion der Populationszahlen zeigte sich, dass die untersuchten Kaltblutpopulationen noch eine hohe genetische Vielfalt besitzen. Insbesondere das Schleswiger und Schwarzwälder Kaltblut können trotz ihrer relativ geringen Populationsgröße eine zu den anderen Kaltblutrassen vergleichbare genetische Variabilität aufweisen. Trotz der ermittelten relativ hohen genetischen Diversität in den Kaltblutpopulationen, wonach es möglich erscheint, auf das Einkreuzen von Fremdrassen verzichten zu können, wäre es demnach sinnvoll, zur nachhaltigen Erhaltung dieser Vielfalt und um den relativ hohen Inzuchtkoeffizienten, insbesondere beim Schleswiger und Schwarzwälder Kaltblut, entgegenzuwirken, kontrolliert Fremdblut genealogisch ähnlicher Rassen einzukreuzen.

Eine Untersuchung der genetischen Distanzen gibt außerdem Aufschluss über die genetische Differenzierung zwischen Populationen und liefert somit ein objektives Entscheidungskriterium für die Beantwortung der Frage, ob es sich bei einzelnen Populationen um eigenständige Rassen mit typischen genetischen Eigenschaften oder um regionale Schläge handelt. So konnte bezüglich der Gruppe des Mecklenburger und Sächsisch-Thüringischen Kaltbluts festgestellt werden, dass es

sich um erkennbar vom Rheinisch-Deutschen Kaltblut differenzierte Populationen handelt. Diese Resultate lassen sich als zusätzliche Informationsquelle für Überlegungen zur Erhaltungszucht bzw. zur Förderung der traditionellen Pferdezucht nutzbar machen. Demgemäss wäre zu überlegen, die ostdeutschen Populationen nachhaltig als eigenständige Rasse zu erhalten, zugleich könnten sie aber auch zur Erhöhung der genetischen Variabilität und der Verringerung der Inzucht in der Rheinisch-Deutschen Kaltblutpopulation beitragen.

Bei den deutschen Kaltblutrassen spielt der wirtschaftliche Nutzen heute nur noch eine untergeordnete Rolle, hingegen muss bei ihnen ihr ideeller Wert als lebendiges Kulturgut, dessen Entwicklung eng mit der menschlichen Geschichte verknüpft war, berücksichtigt werden. Deswegen erscheint es lohnenswert, sich auch heute noch für die Erhaltung dieser Rassen nachhaltig einzusetzen.

Genetische Polymorphismen im Prionprotein-Gen des Schafes

Die Resistenz der Schafe gegenüber einer Infektion mit Scrapie, einer transmissiblen spongiformen Enzephalopathie (TSE), auf dem natürlichen oralen Weg wird durch das Prionprotein-Gen (PrP) determiniert. Das Prionprotein wird durch ein einziges Exon (Exon 3 mit 768 Basenpaaren) des PrP-Gens kodiert (Abb. 6). Auffällig ist hier die hohe Anzahl an Mutationen, die in diesem Exon gefunden wurden. Jedoch nur drei dieser Mutationen sind für die Resistenz oder Empfänglichkeit für Scrapie verantwortlich. Der Wildgenotyp ARQ/ARQ ist empfänglich für Scrapie, so dass daraus ersichtlich ist, dass die Resistenz sich während der Domestikation des Schafes herausgebildet hat. Zwischen den Rassen zeigte sich eine erstaunliche Variation in den Frequenzen der Haplotypen für das PrP-Gen. Interessant ist hierbei, dass in einigen Rassen, wie z.B. bei Fleischschafassen und auch in einigen Landschafassen, sehr hohe Frequenzen des ARR-Allels vorkommen, während beim Merinolandschaf, den Milchschaften und einigen Landschafassen die ARR-Allelfrequenz sehr niedrig ist. Eine mögliche Ursache für die sehr unterschiedlichen Allelfrequenzen des mit der Scrapie-Resistenz verbundenen ARR-Allels könnte ein unterschiedlich hoher natürlicher Selektionsdruck gewesen sein, dem die Rassen ausgesetzt waren. Da die Fleischschafe häufig unter Verwendung von englischen Rassen gezüchtet wurden und dort Scrapie weit verbreitet ist, könnte dies eine gewisse Erklärung für die hohe ARR-Allelfrequenz bei den Fleischschafassen sein. Diese Argumentation wird durch die Divergenz in der ARR-Allelfrequenz zwischen dem Merinolandschaf und Merinofleischschaf unterstützt.

Struktur des ovinen PrP-Gens und die DNS-Sequenz an den Codons 136, 154 und 171

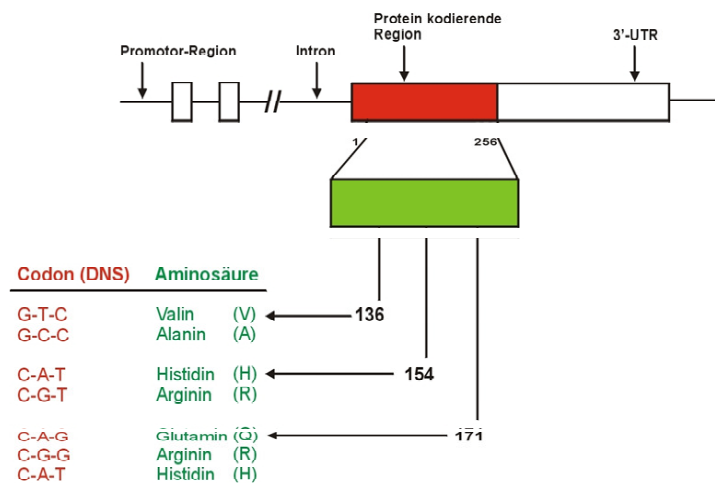


Abb. 6: Struktur des ovinen Prionprotein-Gens

Fig. 6: Structure of the ovine prion protein gene

4 Schlussfolgerungen

Die genetische Differenzierung von Haustierrassen erfordert zuchtgeschichtliche, phänotypische und molekulargenetische Daten. Bei den Haustierrassen müssen die Stichproben bei der Untersuchung so groß gewählt werden, dass auch die Beurteilung der Variation innerhalb der Rasse möglich ist. Mikrosatellitenmarker und Polymorphismen der mitochondrialen DNA spiegeln vor allem die Driftvarianz wieder, da sie meist selektionsneutral sind. Marker der mRNA haben diesbezüglich meist unbekannte Eigenschaften. Einzelne Gene zeigen einen sehr hohen Polymorphiegrad, während viele Gene nur wenige Polymorphismen in den kodierenden Abschnitten zeigen. Die Mutationsraten pro Zeiteinheit sind noch für die meisten Markersysteme unbekannt ebenso wie die Gründergenotypen der einzelnen Rassen. Insgesamt gesehen sind molekulargenetische Marker eine sehr wertvolle Unterstützung in der Differenzierung der Rassen und der Quantifizierung der genetischen Diversität.

Verwandtschaftsverhältnisse aquatischer genetischer Ressourcen am Beispiel des Karpfens

Relationships of aquatic genetic resources taking the common carp as an example

KLAUS KOHLMANN¹

Zusammenfassung

Der Karpfen (*Cyprinus carpio* L.) gehört zu den weltweit bedeutendsten Arten der Süßwasserfischzucht. Er weist eine lange Geschichte der Domestikation auf, und zahlreiche Linien und Zuchtformen wurden von seiner Wildform abgeleitet. Die bisher umfassendste Studie zur Populationsstruktur und den verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen diesen Zuchtformen, aber auch zwischen ihnen und Wildkarpfen wurde in unserer Arbeitsgruppe erstellt: sie schließt zur Zeit 22 europäische, sechs mittelasiatische und vier ost-/südostasiatische Wild- und Zuchtpopulationen ein, die mittels dreier genetischer Markersysteme (Allozyme, Mikrosatelliten, PCR-RFLP mitochondrialer DNA) charakterisiert wurden. Dabei zeigte sich, dass die Variabilität der Allozym-Loci wesentlich geringer war als die der Mikrosatelliten-Loci. Wildlebende Populationen unterschieden sich von den Zuchtbeständen - unabhängig von der geografischen Herkunft - durch eine höhere Variabilität. Alle drei Klassen genetischer Marker gruppierten die Populationen in zwei hochdivergente Cluster: Europa/Mittelasien und Ost-/Südostasien. Damit unterstützen unsere genetischen Daten die bereits anhand morphologisch-morphometrischer Unterschiede beschriebenen beiden Unterarten *C. c. carpio* (Europa) bzw. *C. c. haematopterus* (Ostasien). Die enge Verwandtschaft europäischer und mittelasiatischer Karpfen äußert sich auch darin, dass mit einer Ausnahme alle untersuchten europäischen Populationen für den gleichen mtDNA-Komposithaplotyp fixiert waren, der auch in Mittelasien dominierte, in Ost- und Südostasien aber völlig fehlte. Dies deutet darüber hinaus auf einen singulären Ursprung der europäischen Karpfen in Mittelasien hin. Die Ausnahme unter den europäischen Populationen ist die wildlebende aus der Donau bei Straubing, bei der die mtDNA- und Allozym-Daten nicht nur auf eine Vermischung, sondern auch auf eine bereits erfolgte Hybridisierung mit asiatischen Karpfen hinweisen. Unsere Ergebnisse unterstreichen, dass für den Erhalt genetischer Ressourcen des Karpfens den Wildpopulationen und ihrer Reinerhaltung eine entscheidende Bedeutung zukommt. Von den beiden aus Deutschland bekannten wildlebenden Populationen besitzen dabei die Karpfen aus dem Rhein bei Riedstadt-Erfelden einen höheren Wert als die aus der Donau, da bei ihnen noch keine Anzeichen für eine Vermischung/Hybridisierung mit asiatischen Karpfen festgestellt werden konnten.

¹ Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei
Müggelseedamm 310
12587 Berlin

Summary

The common carp (Cyprinus carpio L.) is among the most important species in freshwater fish culture. It has a long history of domestication, and numerous strains and breeds have been developed from its wild ancestor. The most comprehensive study on the population structure and genetic relationships of these breeds as well as between them and wild carp has been performed by our research team: up to now it comprises of 22 European, six Central Asian and four East/South-East Asian wild and domesticated populations which were analysed for three classes of genetic markers (allozymes, microsatellites, and PCR-RFLP of mitochondrial DNA). Results showed that allozyme variability was much lower than microsatellite variability. Wild caught populations differed from domesticated stocks by a higher variability independent of their geographical origin. All three classes of genetic markers grouped the populations into two highly divergent clusters: Europe/Central Asia and East/South-East Asia. Thus, our genetic data support the two subspecies C. c. carpio (Europe) and C. c. haematopterus (East Asia) formerly distinguished on the basis of morphological and morphometric differences. The close relationship of European and Central Asian carp is also reflected by the fact that all but one of the European populations examined were fixed for the same mtDNA composite haplotype that also dominated in Central Asia but was completely missing in East/South-East Asia. This also indicates a single origin of European carp in Central Asia. The exception among the European populations was the wild caught one from the river Danube near Straubing for which mtDNA and allozyme data suggest not only mixture but already hybridisation with Asian carp. Our results emphasize the great importance of wild populations and their genetic purity for the conservation of common carp genetic resources. Out of the two wild/feral populations known in Germany the one from r. Rhine near Riedstadt-Erfelden possesses a higher value than the one from the river Danube since it does not show any sign of mixing/hybridisation with Asian carp so far.

Einleitung

Der Karpfen (*Cyprinus carpio* L.) gehört zu den weltweit bedeutendsten Süßwasserfischen der Teichwirtschaft und Aquakultur. Seine Jahresproduktion beträgt gegenwärtig mehr als 3,2 Mio. t (FAO FISCHEREISTATISTIK, 2002). Er ist eine der wenigen Fischarten, die als Haustier bezeichnet werden können (STEFFENS, 1980). Seine Domestikation weist eine vergleichsweise lange Geschichte auf. Die europäischen Teichkarpfen gehen auf Wildkarpfen aus der Donau zurück. Die Haltung von in Flüssen gefangenen Wildkarpfen wird bereits von Aristoteles beschrieben; die Teichwirtschaft in ihrer heutigen Form begann sich jedoch erst im Mittelalter ab dem 16. Jahrhundert zu entwickeln. Ein zweites Domestikationszentrum war Asien (China). Dort begann die Haltung von Karpfen in Teichen bereits vor 2500-3000 Jahren, die eigentliche Domestikation erfolgte jedoch erst später und

verlief langsamer, so dass die chinesischen Teichkarpfen ihren wilden Vorfahren ähnlicher blieben als in Europa (KIRPITCHNIKOV, 1999).

Die Wildform des Karpfens zeichnet sich durch einen langgestreckten, torpedo-förmigen und gleichmäßig beschuppten Körper aus. Von ihr wurden sowohl in Europa als auch in Asien zahlreiche Zuchtformen, lokale Rassen und Linien abgeleitet - vorwiegend für die menschliche Ernährung. Diese Teichkarpfen weisen eine gedrungenerere und deutlich hochrückigere Körperform auf. In Europa wird in den meisten Ländern der Spiegelkarpfen, eine Mutante mit stark reduzierter Schuppenzahl, bevorzugt. Eine Ausnahme von der Nutzung als Speisefische bilden die japanischen Koi-Karpfen, die als reine Zierfische in Gartenteichen und Becken gehalten werden.

KIRPITCHNIKOV (1967) unterschied anhand morphologisch-morphometrischer Merkmale vier Unterarten aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet (Abb. 1).

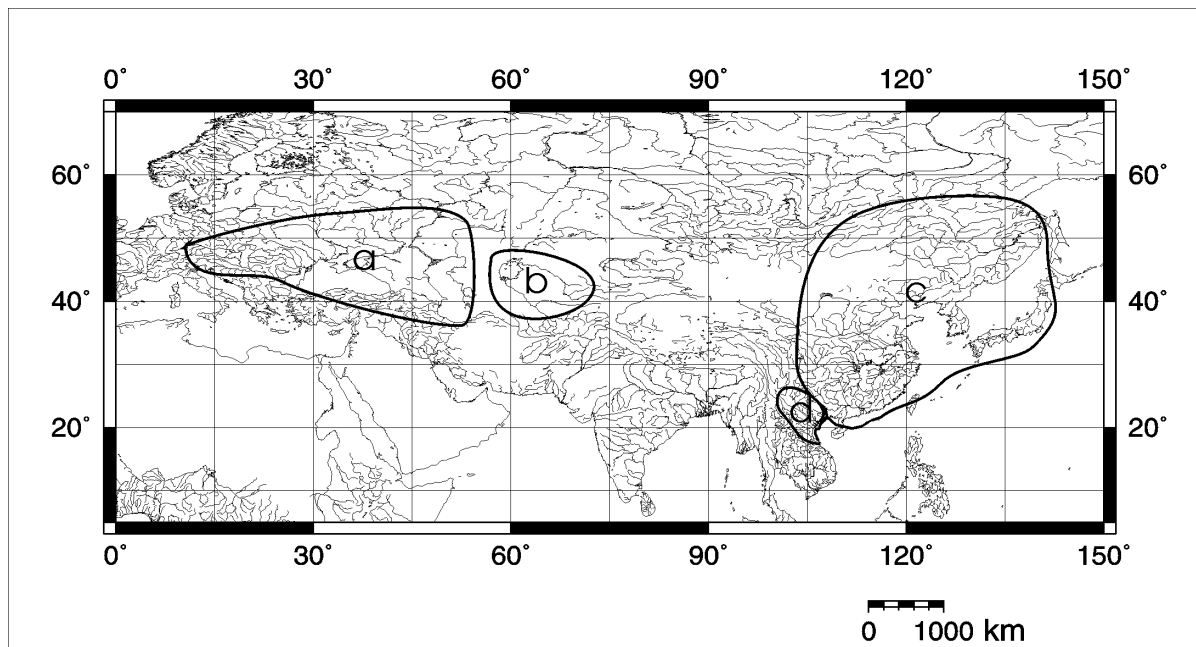


Abb. 1: Verbreitung der Unterarten des Karpfens nach KIRPITCHNIKOV (1967):
 (a) europäisch-transkaukasischer Karpfen, *C. carpio carpio*,
 (b) mittelasiatischer Karpfen, *C. c. aralensis*,
 (c) ostasiatischer Karpfen, *C. c. haematopterus*,
 (d) südostasiatischer Karpfen, *C. c. viridiviolaceus*.

Fig. 1: Distribution of common carp subspecies as proposed by KIRPITCHNIKOV (1967):
 (a) European-Transcaucasian carp, *C. carpio carpio*,
 (b) Central Asian carp, *C. c. aralensis*,
 (c) East Asian carp, *C. c. haematopterus*,
 (d) South-East Asian carp, *C. c. viridiviolaceus*.

Später revidierte er seine Auffassung und ging nur noch von zwei gültigen Unterarten - *C. c. carpio* in Europa, dem Kaukasus und Mittelasien und *C. c. haematopterus* in

Ostasien - aus (KIRPITCHNIKOV, 1999), ebenso wie schon BALON (1995). Demgegenüber vertreten BARUŠ *et al.* (2002) die Hypothese, dass noch eine dritte Unterart, *C. c. viridiviolaceus*, in Südostasien existieren könne. Klarheit über die innerartliche Systematik des Karpfens können nur molekularbiologische Studien bringen. Biochemisch-genetische Marker (Allozyme und Proteine) wurden seit Ende der 1970er Jahre untersucht, molekulargenetische Marker (Kern- und mitochondriale DNA) folgten ab Ende der 1990er Jahre. Den meisten dieser Studien ist jedoch gemeinsam, dass sie nur auf regionaler Ebene durchgeführt wurden. In den wenigen Fällen, in denen Populationen unterschiedlicher geografischer Regionen miteinander verglichen wurden, konnten mindestens zwei genetisch divergente Gruppen - Europa und Ostasien - identifiziert werden (BRODY *et al.*, 1979; PAAVER, 1983; KOHLMANN & KERSTEN, 1999; GROSS *et al.*, 2002). Unsere Studie, die im Folgenden näher vorgestellt werden soll, ist die weltweit erste, die Wild- und Zuchtpopulationen aus dem gesamten natürlichen Verbreitungsgebiet des Karpfens umfasst und bei der darüber hinaus drei unterschiedliche Klassen genetischer Marker (Allozyme, Mikrosatelliten, mitochondriale DNA) gleichzeitig analysiert wurden.

Material und Methoden

Insgesamt wurden 32 Karpfenpopulationen von unterschiedlichem genetischen Status gesammelt (Tab. 1). Unter den 22 europäischen Populationen dominierten domestizierte Teichkarpfen, von denen wiederum bis auf zwei Ausnahmen (EU5d und EU19d) alle Spiegelkarpfen waren. Sammelschwerpunkt in Europa war Deutschland mit seinen beiden traditionellen Zentren der Teichwirtschaft in Bayern und der Lausitz. Einige europäische Populationen wurden als „wild/feral“ (wf) bezeichnet, da ihr genetischer Status unklar ist. Aus Mittelasien (Usbekistan) stammten sechs echte Wildpopulationen. Ost- und Südostasien waren durch je zwei Wild- und zwei domestizierte Populationen vertreten.

Die Methodik der Allozym- (16 Loci), Mikrosatelliten- (vier Loci) und PCR-RFLP-Analyse (mitochondriale *ND-3/4* und *ND5/6* Gene) einschließlich der mathematisch-statistischen Auswertung ist in KOHLMANN & KERSTEN (1999), GROSS *et al.* (2002), MURAKAEVA *et al.* (2003) und KOHLMANN *et al.* (2003) ausführlich beschrieben worden und soll hier nicht wiederholt werden. Aus logistischen Gründen konnten nicht alle Populationen mit allen genetischen Markern untersucht werden. Für den weitaus größten Teil der Individuen liegen jedoch Daten zu allen genetischen Markern vor (Tab. 1). Zusätzlich wurde mit der Sequenzierung ausgewählter Vertreter aller bisher gefundenen mtDNA-Komposithaplotypen begonnen.

Tab. 1: Liste der untersuchten Karpfenpopulationen. Genetischer Status: D = domestiziert, W = wild, W/F = wild/feral, * aus Gefangenschaftshaltung.

*Tab. 1: List of analysed common carp populations. Genetic status: D = domesticated, W = wild, W/F = wild/feral, * captive stock.*

Population	Geografische Region/ Name der Population	Herkunfts- land	Sta- tus	Untersuchte genetische Marker		
				Allozyme	Mikrosatelliten	mtDNA
<i>Europa</i>						
EU1wf	R. Donau (Maier)	Deutschland	W/F*	x	x	x
EU2wf	R. Donau (Straubing)	Deutschland	W/F	x	x	x
EU3wf	R. Theiß	Ungarn	W/F		x	x
EU4wf	R. Rhein	Deutschland	W/F	x	x	x
EU5d	Schuppenkarpfen	Deutschland	D	x	x	x
EU6d	Fiedler	Deutschland	D	x	x	x
EU7d	Kauppa	Deutschland	D	x	x	
EU8d	Seckendorff	Deutschland	D	x		
EU9d	Wiesinger	Deutschland	D	x		
EU10d	Scheuermann	Deutschland	D	x		
EU11d	Hertlein	Deutschland	D	x		
EU12d	Glinzig	Deutschland	D	x	x	
EU13d	Kreba	Deutschland	D	x		
EU14d	Petkampsberg	Deutschland	D	x		
EU15d	Petershain	Deutschland	D		x	x
EU16d	Dor-70	Israel	D	x		
EU17d	Ropscha	Russland	D	x		
EU18d	Badajoz	Spanien	D		x	x
EU19d	Tata	Ungarn	D		x	x
EU20d	Pohorelice	Tschechien	D		x	x
EU21d	Zator	Polen	D		x	x
EU22wf	L. Velence	Ungarn	W/F		x	
<i>Mittelasien</i>						
CA1w	L. Tuzkan	Usbekistan	W	x	x	x
CA2w	R. Syr-Darya	Usbekistan	W	x	x	x
CA3w	Syr-Darya Kanäle	Usbekistan	W	x		x
CA4w	L. Arnasaiskie	Usbekistan	W	x	x	x
CA5w	L. Aidar	Usbekistan	W	x		x
CA6w	R. Kli	Usbekistan	W		x	x
<i>Ost- und Südostasien</i>						
EA1w	R. Amur	Russland	W*	x	x	x
EA2w	R. Red	Vietnam	W	x	x	x
EA3d	Wuhan	China	D		x	x
EA4d	Koi	Japan	D	x	x	x

Ergebnisse

Genetische Variabilität innerhalb der Populationen

Wie nicht anders zu erwarten, wiesen die Mikrosatelliten in allen gemessenen Parametern eine wesentlich höhere Variabilität als die Allozyme auf. Die mittlere Anzahl der Allele je Locus betrug bei den Allozymen lediglich 1,06 bis 1,81, bei den Mikrosatelliten dagegen 2,50 bis 14,25. Während bei den Allozymen der Anteil polymorpher Loci nur 6,2 bis 43,8% betrug, waren alle vier untersuchten

Mikrosatelliten-Loci variabel. Auch die beobachtete Heterozygotie war an den Mikrosatelliten-Loci mit 0,492 bis 0,909 wesentlich höher als an den Allozym-Loci (0,006 bis 0,181). Ein klares geografisches Muster der Variabilität war nicht erkennbar. An den Allozym-Loci wiesen die ost-/südostasiatischen Populationen eine höhere Variabilität auf als die mittelasiatischen und europäischen Populationen, deren Variabilitätsniveau gleich war. An den Mikrosatelliten-Loci waren demgegenüber die mittelasiatischen Populationen am variabelsten, gefolgt von den europäischen und ost-/südostasiatischen Populationen, die hier auf gleichem Niveau lagen. Dieser Vergleich wird aber möglicherweise verfälscht durch die unterschiedlichen Proportionen von Zucht- zu wildlebenden Populationen in den drei Regionen. Ein klares Bild ergibt sich jedoch für den Vergleich zwischen Zucht- und wildlebenden Populationen unabhängig von der geografischen Herkunft: die Zuchtbestände weisen im Allgemeinen eine deutlich geringere Variabilität auf. An den Allozym-Loci war dieser Unterschied statistisch signifikant in Europa, jedoch nur tendenziell in den anderen Regionen. Stärker ausgeprägt waren die Unterschiede an den Mikrosatelliten-Loci. Die Anzahl Allele je Locus war mit 4,44 bei den Zuchtbeständen nur rund halb so hoch wie bei den wildlebenden Populationen mit 8,22. Die beobachtete Heterozygotie lag bei beiden Gruppen jedoch auf vergleichbarem Niveau (0,734 in Zuchtbeständen vs. 0,799 in Wildpopulationen).

Interessant war die Verteilung der insgesamt 10 Komposithaplotypen, die durch den Restriktionsverdau der *ND-3/4* und *ND5/6* Gene mit jeweils 10 Enzymen entstanden waren (Tab. 2).

Alle europäischen Populationen waren für den gleichen Haplotyp H1 fixiert, der auch in Mittelasien dominierte, in Ost-/Südostasien aber völlig fehlte. Die einzige Ausnahme bildeten zwei von 27 Individuen der wildlebenden Population aus der Donau bei Straubing (EU2wf). Diese wiesen einen Haplotypen auf, der sich nur durch zwei Substitutionen vom Typ H3 unterschied, für den die Amur-Wildkarpfen (EA1w) fixiert waren. Ebenfalls fixiert für einen spezifischen Haplotypen (H7) waren die Koi-Karpfen. Am variabelsten erwiesen sich die mittelasiatischen Wildkarpfen (CA1w bis CA6w), gefolgt von den chinesischen domestizierten Karpfen (EA3d) und den vietnamesischen Wildkarpfen (EA2w). Die Fixierung der Amur-Wildkarpfen und ihre im Vergleich zu den anderen Wildpopulationen verringerte Variabilität an den Allozym- und Mikrosatelliten-Loci (KOHLMANN *et al.*, 2003) ist als Effekt der Gefangenschaftshaltung zu werten: eine wahrscheinlich geringe Zahl von Gründerindividuen (Flaschenhalseffekt) und/oder geringe effektive Populationsgrößen während der Gefangenschaftshaltung. Andererseits widerspiegelt die hohe Variabilität der chinesischen domestizierten Karpfen, auch an den Mikrosatelliten-Loci (KOHLMANN *et al.*, im Druck), das extensive Management dieser Population: eine hohe Anzahl an Laichfischen kann sich natürlich in großen Teichen vermehren; abgefischt werden lediglich die Karpfenbrut für den Transfer in kleine, intensiv bewirtschaftete Teiche oder marktfähige Exemplare für den Verkauf als Speisefisch.

Tab. 2: Verteilung der mtDNA-Komposithaplotypen, entstanden durch den Verdau der ND-3/4 und ND-5/6 kodierenden Regionen mit 10 Restriktionsenzymen, sowie Haplotyp- und Nukleotid-Diversitäten der Karpfenpopulationen.

Tab. 2: Distribution of the mtDNA composite haplotypes derived after digestion of ND-3/4 and ND-5/6 coding regions by 10 restriction enzymes, and haplotype and nucleotide diversities of common carp populations.

Population	n	Komposithaplotyp										Haplotyp- diversität	Nukleotid- diversität	
		H1	H1b	H3	H5	H6	H7	H9	H11	H12	H13			
EU1wf	8	8											0	0
EU2wf	27	25		2*									0	0
EU3wf	9	9											0	0
EU4wf	29	29											0	0
EU5d	29	29											0	0
EU6d	23	23											0	0
EU15d	30	30											0	0
EU18d	18	18											0	0
EU19d	19	19											0	0
EU20d	18	18											0	0
EU21d	17	17											0	0
CA1w	29	16	6					6	1				0,631	0,002
CA2w	28	15	7					6					0,627	0,002
CA3w	28	28											0	0
CA4w	27	12	4					9	2				0,690	0,003
CA5w	29	15	6					8					0,636	0,002
CA6w	28	11	8					9					0,686	0,003
EA1w	22			22									0	0
EA2w	26				15	11							0,508	0,003
EA3d	20			7						12	1		0,542	0,003
EA4d	30							30					0	0

* wegen zweier Nukleotidsubstitutionen später als H3a bezeichnet

* based on two nucleotide substitutions designated as H3a later on

Genetische Beziehungen zwischen den Populationen

Als Gradmesser für die genetische Differenzierung zwischen den Populationen und geografischen Regionen wurde der Fixationsindex F_{ST} verwendet. Auf Basis der Allozym-Loci bestanden signifikante Unterschiede zwischen den Populationen, vor allem wenn sie aus verschiedenen geografischen Regionen stammten, während einige der Populationsvergleiche innerhalb der Regionen, insbesondere zwischen den deutschen Teichkarpfen oder den usbekischen Wildkarpfen, nichtsignifikante F_{ST} Werte lieferten (KOHLMANN *et al.*, 2003). Die durchschnittliche Differenzierung zwischen den Populationen war am höchsten in Ost-/Südostasien ($F_{ST}=0,29$), gefolgt von Europa ($F_{ST}=0,10$) und Mittelasien ($F_{ST}=0,008$). An den Mikrosatelliten-Loci zeigte sich eine stärkere Differenzierung zwischen den ost-/südasiatischen ($F_{ST}=0,343$) und europäischen Populationen ($F_{ST}=0,138$), während die mittelasiatischen Wildkarpfen geringer differenziert waren ($F_{ST}=0,002$) (KOHLMANN *et al.*, im Druck). Die Rangfolge der drei geografischen Regionen änderte sich jedoch nicht.

Sowohl die Allozym- als auch die Mikrosatelliten-Polymorphismen gruppieren die Karpfenpopulationen in zwei große Cluster (Abb. 2 und 3): Europa/Mittelasien und Ost-/Südostasien, wobei der Bootstrap-Wert für das Mikrosatelliten-Dendrogramm mit 91% deutlich höher war als der für das Allozym-Dendrogramm mit lediglich 73%. Innerhalb des europäisch/mittelasiatischen Clusters bildeten die mittelasiatischen Wildkarpfen in beiden Fällen eine eigenständige Untergruppe.

Die mtDNA-Polymorphismen ergaben ein ähnliches Bild: sowohl die Haplotypen (Abb. 4) als auch die Populationen selbst (Abb. 5) ordneten sich zu den gleichen beiden großen Gruppen (Europa/Mittelasien und Ost-/Südostasien) an. Auch hier bildeten die mittelasiatischen Wildkarpfen eine separate Untergruppe.

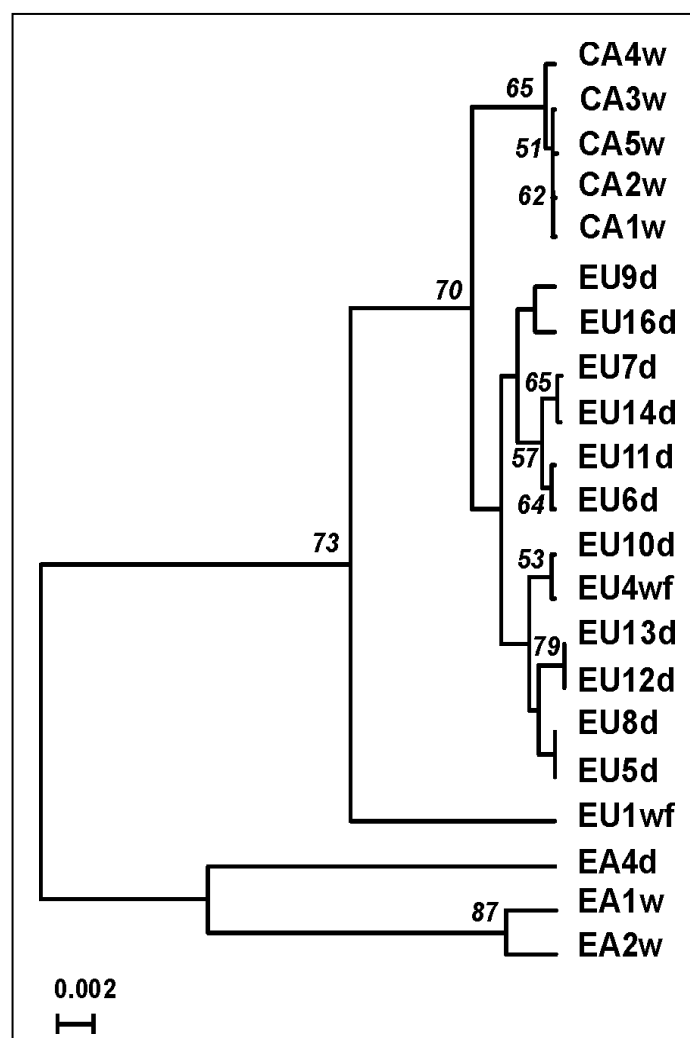


Abb. 2: UPGMA-Dendrogramm der Karpfenpopulationen auf der Basis von Allozym-Polymorphismen an 16 Loci und den genetischen Abständen nach NEI (1972). Die Bootstrap-Werte wurden mit der Software PHYLIP ver. 3.573c (FELSENSTEIN, 1995) kalkuliert.

Fig. 2: UPGMA clustering of common carp populations based on allozyme polymorphisms at 16 loci and Nei's (1972) standard genetic distances. Bootstrap values were calculated by PHYLIP ver. 3.573c software (FELSENSTEIN, 1995).

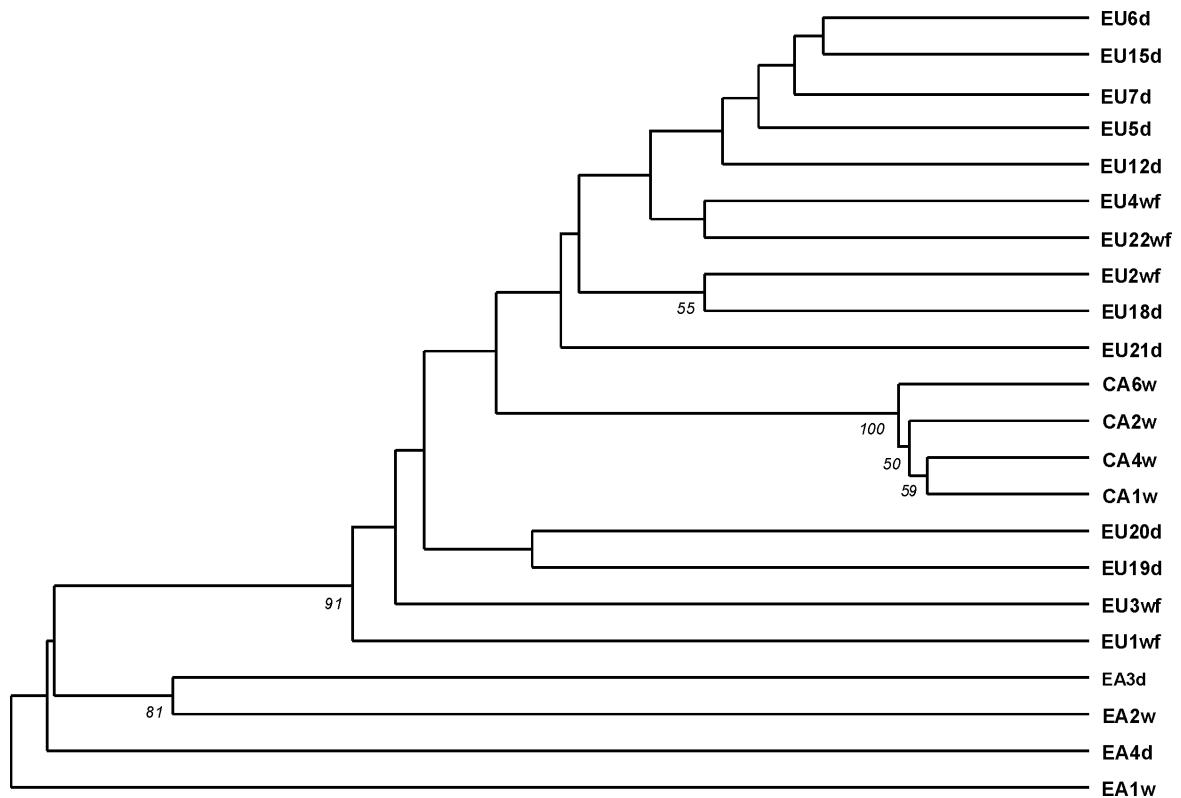


Abb. 3: UPGMA-Dendrogramm der Karpfenpopulationen auf der Basis der Mikrosatellitenvariabilität an vier Loci und den D_A Abständen (NEI et al., 1983). Die Bootstrap-Werte wurden mit der Software DISPAN (OTA, 1993) kalkuliert.

Fig. 3: UPGMA clustering of common carp populations based on microsatellite variability at four loci and D_A distances (NEI et al., 1983) among pairs of populations. Bootstrap values were calculated by DISPAN software (OTA, 1993).

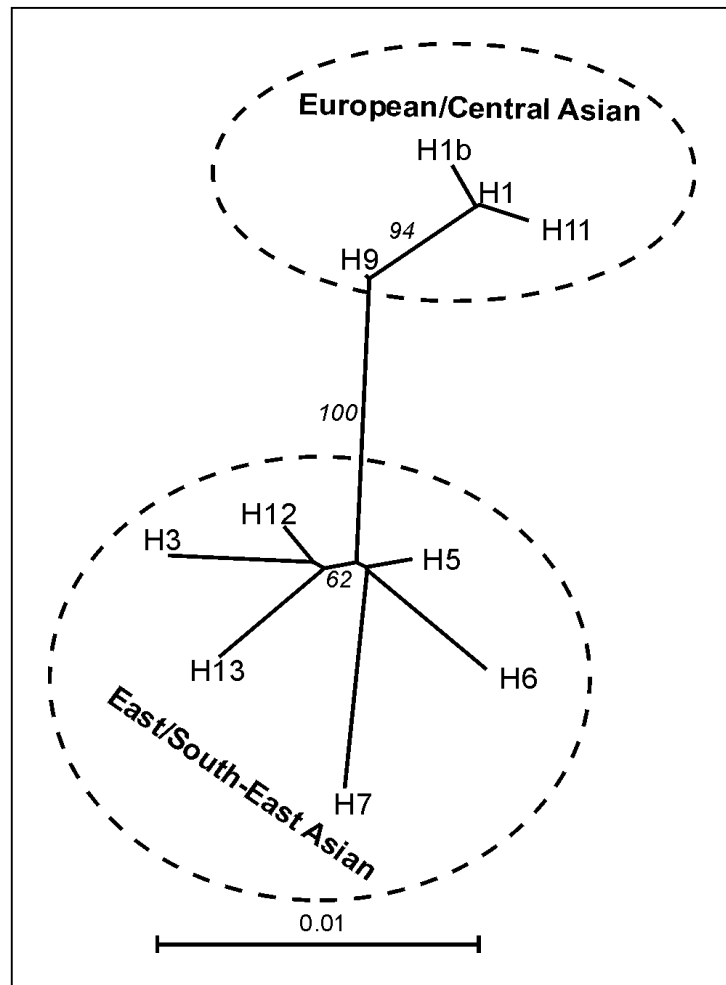


Abb. 4: Unrooted Network der Karpfen-mtDNA-Komposithaplotypen an den *ND-3/4* und *ND-5/6* Genen. Die Bootstrap-Werte wurden dem Maximum-Likelihood-Tree entnommen.

*Fig. 4: Unrooted network of common carp mtDNA composite haplotypes at the *ND-3/4* and *ND-5/6* genes. Bootstrap values were obtained from the maximum likelihood tree.*

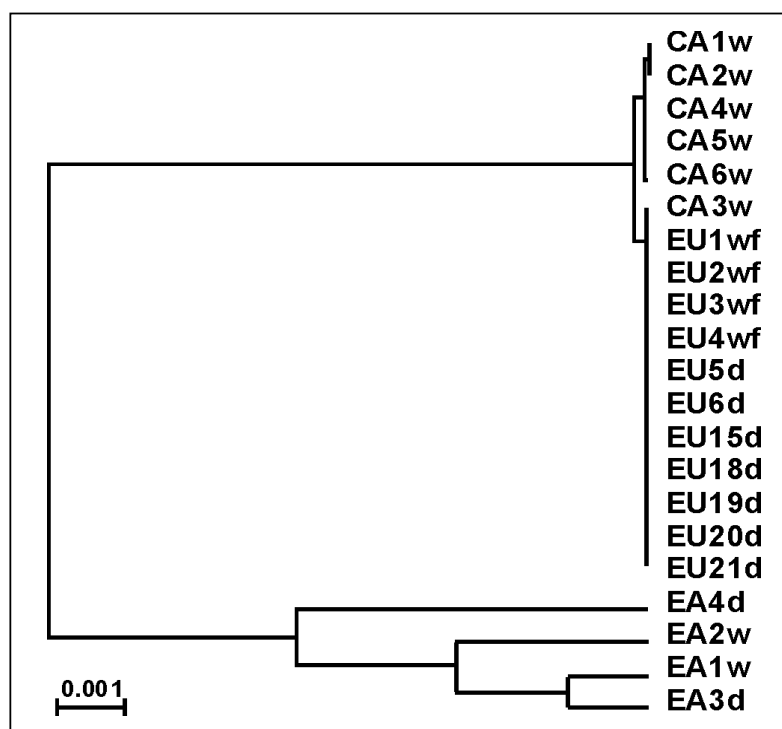


Abb. 5: UPGMA-Dendrogramm der Karpfenpopulationen auf der Basis der geschätzten Anzahl der Nukleotidsubstitutionen zwischen allen Populationspaaren (d_A) an den *ND-3/4* und *ND-5/6* Genen.

*Fig. 5: UPGMA clustering of common carp populations based on the estimated number of net nucleotide substitutions between all pairs of populations (d_A) at the mitochondrial *ND-3/4* and *ND-5/6* genes.*

Diskussion und Schlussfolgerungen

Die beim Karpfen beobachtete reduzierte genetische Variabilität in Zuchtbeständen gegenüber Wildpopulationen wurde auch bei anderen Nutzfischen festgestellt, z.B. beim Atlantischen Lachs (STAAHL, 1983; VERSPOOR, 1988), dem Masu-Lachs (NAKAJIMA *et al.*, 1986), der Regenbogenforelle (PAAVER, 1986) und der Bachforelle (VUORINEN, 1984). Als Ursache für den Verlust an genetischer Variabilität kommen vor allem die genetische Drift infolge geringer Populationsgrößen und die Inzucht durch hohe Selektionsintensitäten (z.B. bei Koi-Karpfen) in Betracht. Flaschenhalseffekte bei der Gründung der Zuchtpopulationen oder im Laufe ihrer Kultur sowie genetische Anpassungen an lokale Umweltbedingungen können ebenfalls nicht ausgeschlossen werden.

Alle drei Klassen genetischer Marker gruppierten die Populationen in zwei hochdivergente Cluster: Europa/Mittelasien und Ost-/Südostasien. Damit unterstützen unsere genetischen Daten die bereits anhand morphologisch-morphometrischer Unterschiede beschriebenen beiden Unterarten *C. c. carpio* (Europa) bzw. *C. c. haematopterus* (Ostasien). Vorläufige Ergebnisse der mtDNA-Sequenzierung weisen auf eine Divergenzzeit zwischen beiden Gruppen von ca.

500.000 Jahren hin. Der Unterartstatus *C. c. aralensis* für Mittelasien scheint dagegen nicht gerechtfertigt. Der hohe Grad an genetischer Differenziertheit in Ost-/Südostasien lässt das Vorhandensein weiterer, evolutionär signifikanter Gruppen in dieser Region vermuten. Von besonderem Interesse könnten in diesem Zusammenhang die von TRAN DINH-TRONG (1967) beschriebenen morphologischen und Farb-Varianten des Wildkarpfens aus Nordvietnam sein. Detaillierte genetische Studien wären erforderlich, um die Existenz der vermuteten dritten Unterart *C. c. viridiviolaceus* zu bestätigen bzw. zu widerlegen.

Die enge Verwandtschaft europäischer und mittelasiatischer Karpfen äußert sich auch darin, dass mit einer Ausnahme alle untersuchten europäischen Populationen für den gleichen mtDNA-Komposithaplotyp fixiert waren, der auch in Mittelasien dominierte, in Ostasien aber völlig fehlte. Dies deutet auf einen singulären Ursprung der europäischen Karpfen in Mittelasien hin (nacheiszeitliche Einwanderung von Wildkarpfen aus Mittelasien nach Europa bis zum Donaubecken und anschließende Weiterverbreitung und Domestikation in Europa durch den Menschen). Die Ausnahme unter den europäischen Populationen bildete die wildlebende aus der Donau bei Straubing, bei der zwei von 27 Individuen nicht den europäischen, sondern einen den asiatischen Amur-Wildkarpfen ähnlichen Komposithaplotyp aufwiesen. Die Allozym-Daten dieser Population weisen darüber hinaus nicht nur auf eine Vermischung, sondern auch auf eine bereits erfolgte Hybridisierung mit diesen asiatischen Karpfen hin (KOHLMANN *et al.*, 2003).

Unsere Ergebnisse unterstreichen, dass für den Erhalt genetischer Ressourcen des Karpfens den Wildpopulationen und ihrer Reinerhaltung eine entscheidende Bedeutung zukommt. Diese sind jedoch in vielen Bereichen des natürlichen Verbreitungsgebiets in ihrer Existenz bedroht - zum Teil durch Habitatverluste, vor allem aber durch die Verdrängung durch die in der Teichwirtschaft bevorzugten schnellwüchsigeren Zuchtkarpfen. Von den beiden aus Deutschland bekannten wildlebenden Populationen besitzen die Karpfen aus dem Rhein bei Riedstadt-Erfelden einen höheren Wert als die aus der Donau, da bei ihnen noch keine Anzeichen für eine Vermischung/Hybridisierung mit asiatischen Karpfen festgestellt werden konnten.

Literatur

- BALON, E.K., (1995). Origin and domestication of the wild carp, *Cyprinus carpio*: from Roman gourmets to the swimming flowers. *Aquaculture* 129, 3-48.
- BARUŠ, V., PEŇÁZ, M., KOHLMANN, K. (2002): *Cyprinus carpio* (Linnaeus, 1758). In: BĂNĂRESCU, P. M., PAEPKE, H.-J. (EDS.): *The Freshwater Fishes of Europe*. Vol. 5/III, Cyprinidae 2, Part III: *Carassius* to *Cyprinus*, Gasterosteidae. AULA-Verlag GmbH, Wiebelsheim, 85-179.
- BRODY, T., KIRSHT, D., PARAG, G., WOHLFARTH, G., HULATA, G., MOAV, R., (1979). Biochemical genetic comparison of the Chinese and European races of the common carp. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.* 10, 141-149.

- FELSENSTEIN, J., (1995). PHYLIP (Phylogeny Inference Package), Version 3.573c. Department of Genetics, University of Washington, Seattle.
- GROSS, R., KOHLMANN, K., KERSTEN, P., (2002). PCR-RFLP analysis of the mitochondrial *ND-3/4* and *ND-5/6* gene polymorphisms in the European and East Asian subspecies of common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Aquaculture* 204, 507-516.
- KIRPITCHNIKOV, V.S., (1967). Homologous hereditary variation and evolution of wild common carp *Cyprinus carpio* L. *Genetika* 8, 65-72 (in Russian).
- KIRPITCHNIKOV, V.S., (1999). Genetics and Breeding of Common Carp (rev. by R. Billard, J. Repérant, J.P. Rio and R. Ward). INRA, Paris.
- KOHLMANN, K., KERSTEN, P., (1999). Genetic variability of German and foreign common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations. *Aquaculture* 173, 435-445.
- KOHLMANN, K., GROSS, R., MURAKAEVA, A., KERSTEN, P., (2003). Genetic variability and structure of common carp (*Cyprinus carpio*) populations throughout the distribution range inferred from allozyme, microsatellite and mitochondrial DNA markers. *Aquat. Living Resour.* 16, 421-431.
- KOHLMANN, K., KERSTEN, P., FLAJŠHANS, M., (im Druck). Microsatellite based genetic variability and differentiation of domesticated, wild and feral common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations. *Aquaculture*.
- MURAKAEVA, A., KOHLMANN, K., KERSTEN, P., KAMILOV, B., KHABIBULLIN, D., (2003). Genetic characterization of wild and domesticated common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations from Uzbekistan. *Aquaculture* 218, 153-166.
- NAKAJIMA, M., KITA, A., FUJIO, Y., (1986). Genetic features of natural and cultured populations in masu salmon. *Tohoku J. Agric. Res.* 37, 31-42.
- NEI, M., (1972). Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106, 283-292.
- NEI, M., TAJIMA, F., TATENO, Y., (1983). Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Molecular Evolution* 19, 153-170.
- OTA, T., (1993). DISPAN: Genetic Distance and Phylogenetic Analysis Software. Pennsylvania: Pennsylvania State University.
- PAAVER, T., (1983). Biochemical Genetics of the Common Carp, *Cyprinus carpio* L. Valgus, Tallinn (in Russian).
- PAAVER, T., (1986). The low level of genetic variability of the Donaldson rainbow trout strain. *Proc. Acad. Sci. Estonian SSR, Biol.* 35(3), 193-197.
- STAAHL, G., (1983). Differences in the amount and distribution of genetic variation between natural populations and hatchery stocks of Atlantic salmon. *Aquaculture* 33, 23-32.
- STEFFENS, W., (1980). Der Karpfen, *Cyprinus carpio*. 5. Auflage. A. Ziemsen Verlag, Wittenberg Lutherstadt.
- TRAN DINH-TRONG, (1967). Materials on intraspecific variation, biology, and distribution of the carp of North-Vietnam. *Soviet Genetics (Genetika)* 3, 28-35.
- VERSPoor, E., (1988). Reduced genetic variability in first-generation hatchery populations of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 45, 1686-1690.
- VUORINEN, J., (1984). Reduction of genetic variability in a hatchery stock of brown trout, *Salmo trutta* L.. *J. Fish Biol.* 24, 339-348.

Genetische Integrität selbst- und fremdbefruchtender Arten in *Ex-situ*-Sammlungen

Genetic integrity in self and open pollinating species maintained in ex-situ collections

ANDREAS BÖRNER¹, SABINA CHEBOTAR², VICTOR KORZUN³ und MARION S. RÖDER¹

Zusammenfassung

Unter Verwendung molekularer Marker (Mikrosatelliten) wurden Untersuchungen zur genetischen Integrität beim Selbstbefruchter Weizen (*Triticum aestivum* L.) sowie beim Fremdbefruchter Roggen (*Secale cereale* L.) durchgeführt. Vergleichende DNA-Analysen waren möglich, da im IPK neben der *Ex-situ*-Kollektion, bestehend aus Samen des zuletzt stattgefundenen Reproduktionsanbaus, eine Herbar-Kollektion erhalten wird. In dieser Herbar-Kollektion werden bei Getreide Ähren- und Samenproben, stammend aus dem erstmals stattgefundenen Reproduktionsanbau als Referenzmuster aufbewahrt.

Die Anbaufrequenz der acht untersuchten Weizenakzessionen schwankte zwischen 5 und 24. Der Vergleich der DNA-Muster (genetischer Fingerabdruck) zeigte einen hohen Grad an Übereinstimmung. Kontaminationen durch mögliche Einstäubung von Fremdpollen oder durch Vermischungen bei Ernte oder Aufbereitung des Saatgutes konnten nicht nachgewiesen werden.

Von der Kollektion des Fremdbefruchtens Roggen wurden sechs Akzessionen mit einer Anbauhäufigkeit von bis zu 14 mal analysiert. Da die einzelnen Akzessionen Populationen darstellen, wurden jeweils 36 Samen vom erstmaligen und 72 Samen vom letztmaligen Anbau untersucht. Die DNA Isolierung erfolgte für jeden Samen separat, was den Vergleich des Auftretens von Allel-Häufigkeiten ermöglichte. In zahlreichen Akzession/Marker-Kombinationen war ein Verlust von Allelen nach mehrfach wiederholtem Reproduktionsanbau nachweisbar. Insgesamt waren nur noch ca. 50% der ursprünglich vorhandenen Allele auffindbar. In einigen Fällen traten Allele auf, die im Ursprungsmuster nicht vorhanden waren. Die erzielten Ergebnisse machen es erforderlich, das Management des Reproduktionsanbaus fremdbefruchtender Arten in *Ex-situ*-Genbanken bezüglich der Populationsgrößen und des Abstandes zwischen den Parzellen zu überarbeiten.

¹ Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstrasse 3
06466 Gatersleben

² South Plant Biotechnology Centre
Ovidiopolskaya dor.3
65036 Odessa

³ Lochow-Petkus GmbH
PF 1197
29296 Bergen

Summary

*The genetic integrity of the self pollinating species wheat (*Triticum aestivum* L.) and the open pollinating species rye (*Secale cereale* L.) was investigated by using molecular markers (microsatellites). The study became possible, because at IPK both the ex-situ collection, consisting of seeds from the most recent regeneration and a herbarium collection is maintained. In the herbarium collection from each accession samples of grains and complete spikes are deposited as vouchers when they are grown initially.*

For the eight wheat accessions investigated the regeneration frequency was ranging between 5 and 24. The comparison of the DNA fingerprints showed a high degree of identity. No contamination due to foreign pollen or incorrect handling during the multiplication cycles was discovered.

From the open pollinating species rye six accessions with regeneration frequencies up to 14 were analysed. DNA was isolated from 36 and 72 single grains originated from the first and most recent regeneration cycles, respectively, in order to compare allele frequencies. For several accession/marker combinations a loss of alleles was detected. Overall, nearly 50% of the alleles discovered in the original sample were not found in the material present in the ex-situ collection now. In some cases alleles were detected in the most recently propagated subpopulations that were not observed in the investigated plants of the original one. Based on the data obtained it becomes necessary to improve the regeneration management for open pollinating species in ex-situ collections with respect to the population size and the distance between regeneration plots.

Einleitung

Nach Schätzungen der FAO lagern in Genbanken weltweit ca. 6 Millionen Akzessionen von Kulturpflanzen. Mehr als 40% der *ex-situ* erhaltenen Muster sind Getreide (FAO 1998). Die Genbankkollektion in Gatersleben umfasst ca. 150.000 Akzessionen. Der Anteil der Getreide und Gräser beträgt 43% (Anonymus 2005). Eine Zusammenstellung ausgewählter selbst- und fremdbefruchtender Nutzpflanzen, aufbewahrt in Genbanken weltweit sowie im IPK Gatersleben ist in Tab. 1 dargestellt.

Eine der wesentlichsten Herausforderungen an *Ex-situ*-Sammlungen ist die Bewahrung der genetischen Integrität der Muster. Es gilt, mögliche Kontaminationen durch Fremdeinstäubung, Vermischung oder Verwechslung während des Reproduktionsanbaus zu minimieren. Ein erhöhtes Risiko ist bei fremdbefruchtenden Arten gegeben. Ein Anbau unter isolierten Bedingungen ist bei diesem Material zwingend erforderlich.

Tab. 1: Genbankkollektionen ausgewählter Nutzpflanzen, erhalten weltweit und im IPK GaterslebenTab. 1: *Germplasm collections of selected crops maintained world-wide and at IPK Gatersleben*

Selbstbefruchter			
Nutzpflanze	Gattung	Anzahl Akzessionen	
		Global	IPK Gatersleben
Weizen	<i>Triticum</i>	788.654	28.191
Gerste	<i>Hordeum</i>	486.724	21.244
Bohnen	<i>Phaseolus</i>	268.369	8.640
Tomaten	<i>Lycopersicum</i>	78.376	4.043
Erbsen	<i>Pisum</i>	75.288	5.633
Paprika	<i>Capsicum</i>	53.558	1.525

Fremdbefruchter			
Nutzpflanze	Gattung	Anzahl Akzessionen	
		Global	IPK Gatersleben
Mais	<i>Zea</i>	261.584	1.660
Kohl	<i>Brassica</i>	106.923	4.718
Ackerbohne	<i>Vicia</i>	31.831	3.392
Roggen	<i>Secale</i>	27.132	2.461
Zwiebel	<i>Allium</i>	25.288	1.545
Rübe	<i>Beta</i>	24.085	2.509

Die Prüfung der genetischen Identität von Genbankmustern beschränkte sich in der Vergangenheit auf den Vergleich morphologischer Merkmale. Die Entwicklung biochemischer (Isoenzyme) und molekularer (DNA-Marker) Methoden eröffnete jedoch neue und effizientere Möglichkeiten zur Untersuchung von Genbankmaterial. Neben zahlreichen Studien zur Diversität (HUANG *et al.* 2002, DEHMER 2003, ALAMEREW *et al.* 2004) eignen sich biochemische und molekulare Marker auch für das Erstellen von „genetischen Fingerabdrücken“ einzelner Akzessionen und dienen damit zum Auffinden von Duplikaten in Genbanksammlungen (DEHMER *et al.* unveröffentlicht, DOBROVOLSKAYA *et al.* unveröffentlicht) oder können für Untersuchungen zur Integrität nach Langzeiterhaltung genutzt werden.

Die vorliegende Arbeit fasst Ergebnisse von vergleichenden Untersuchungen zur genetischen Integrität der Gaterslebener *Ex-situ*-Kollektion zusammen (BÖRNER *et al.* 2000, CHEBOTAR *et al.* 2003). Unter Verwendung molekularer Marker (Mikrosatelliten) wurden Akzessionen des Selbstbefruchters Weizen (*Triticum aestivum* L.) sowie des Fremdbefruchters Roggen (*Secale cereale* L.) analysiert. Vergleichende DNA Analysen waren möglich, da im IPK neben der *Ex-situ*-Kollektion, bestehend aus Samen des zuletzt stattgefundenen Reproduktionsanbaus, eine Herbar-Kollektion erhalten wird. In dieser Herbar-Kollektion werden bei Getreide Ähren- und

Samenproben, aus dem erstmals stattgefundenen Reproduktionsanbau als Referenzmuster aufbewahrt. Die ältesten Proben lagern dort seit 1946.

Material und Methoden

Acht Weizen- (*Triticum aestivum* L.) und sechs Roggen- (*Secale cereale* L.) Akzessionen der Genbankkollektion Gatersleben wurden zufällig ausgewählt (Tab. 2). Die Häufigkeiten des Vermehrungsanbaus schwankten zwischen 5 und 24 bei Weizen bzw. 2 und 14 bei Roggen. Verglichen wurden Muster vom erstmaligen Anbau, aus der Herbarium-Kollektion, mit Proben des letztmaligen Anbaus.

Tab. 2: Geographische Herkünfte, Jahre des erst- und letztmaligen Anbaus und Regenerationshäufigkeiten der untersuchten Weizen- und Roggenakzessionen

Tab. 2: Geographical origins, years of first and latest multiplications and regeneration frequencies of the wheat and rye accessions analysed

Art	Akzessionsnummer	Geographische Herkunft	Jahre des erst- und letztmaligen Anbaus	Regenerationshäufigkeit
<i>T. aestivum</i> L.	TRI 11742	Pakistan	1978, 1997	5
	TRI 12922	China	1979, 1992	6
	TRI 249	Deutschland	1946, 1995	11
	TRI 2292	Griechenland	1952, 1995	11
	TRI 4599	Albanien	1952, 1996	15
	TRI 3342	China	1951, 1995	16
	TRI 1634	Albanien	1948, 1996	17
	TRI 2519	Tibet	1950, 1996	24
<i>S. cereale</i> L.	R 793	Deutschland	1988, 1995	2
	R 784	Spanien	1986, 1996	3
	R 52	Österreich	1963, 1998	8
	R 200	Deutschland	1954, 1993	12
	R 78	Deutschland	1954, 1993	12
	R 197	Italien	1954, 1993	14

Beim Selbstbefruchter Weizen wurden 5 Samen je Akzession und Regenerationszyklus gepoolt und analysiert. Anschließend erfolgte ein Vergleich der DNA-Muster (genetischer Fingerabdruck). Anders war die Vorgehensweise beim Fremdbefruchter Roggen. Hier galt es, Allel-Frequenzen in Teilpopulationen, bestehend aus 36 (Herbariumkollektion) bzw. 72 (*Ex-situ*-Genbankkollektion) Samen, zu bestimmen. Die Menge der Samen im Herbarium war begrenzt. Die DNA Isolierung erfolgte für jeden Samen separat, was den Vergleich des Auftretens von Allel-Häufigkeiten ermöglichte. Für die DNA-Extraktion wurde die Methode nach PLASCHKE *et al.* (1995) verwendet.

Die Markeranalysen wurden mittels artspezifischer Mikrosatelliten durchgeführt (Tabelle 3), entwickelt für Weizen am IPK Gatersleben (RÖDER *et al.* 1995, 1998) sowie für Roggen von der Fa. Lochow Petkus, Bergen. Die Marker waren zufällig über die Genome der untersuchten Arten verteilt (Tabelle 3).

Tab. 3: Verwendete Weizen- (WMS) und Roggen- (RMS) Mikrosatelliten Marker und deren chromosomale Lokalisierung

Tab. 3: Wheat (WMS) and rye (RMS) microsatellite markers used and their chromosomal location

Art	Mikrosatelliten Marker	Chromosomale Lokalisierung
<i>T. aestivum</i> L.	WMS 3	3D
	WMS 186	5A
	WMS 261	2D
	WMS 357	1A
	WMS 437	7D
	WMS 445	2A
	WMS 619	2B
	WMS 631	7A
	WMS 680	6B
<i>S. cereale</i> L.	RMS 7	4RL
	RMS 10	1R
	RMS 12	7RS
	RMS 18	7RL
	RMS 20	7RL
	RMS 28	3RL
	RMS 104	6R
	RMS 107	1RL
	RMS 115	5RL
	RMS 121	6RL

Ergebnisse und Diskussion

Der Vergleich der DNA-Muster der Weizenakzessionen zeigte einen hohen Grad an Übereinstimmung. Kontaminationen durch mögliche Einstäubung von Fremdpollen oder durch Vermischungen bei Ernte oder Aufbereitung des Saatgutes konnten nicht nachgewiesen werden. Bei einer Akzession (TRI 4599) trat genetische Drift auf. Für drei Marker waren je 2 Allele im Ausgangsmuster (1952) aber nur noch eins in der Nachbauprobe (1996) detektiert worden. Ein anderes Beispiel für Heterogenität trat in der Akzession TRI 249 auf. Nachweisbar für zwei Marker blieb diese Heterogenität auch nach 11 Vermehrungszyklen erhalten. Alle übrigen Akzession/Marker-Kombinationen zeigten Homogenität und Identität.

Deutlich weniger übereinstimmend waren die Ergebnisse der untersuchten Roggenproben (Abbildung 1). In zahlreichen Akzession/Marker-Kombinationen war ein Verlust von Allelen nach mehrfach wiederholtem Reproduktionsanbau

nachweisbar. Insgesamt waren nur noch ca. 50% der ursprünglich vorhandenen Allele auffindbar. Offensichtlich hatte während der aufeinander folgenden Vermehrungszyklen ungewollte Selektion stattgefunden. Neben dem Allelverlust traten in einigen Akzession/Marker-Kombinationen Allele auf, die im Ursprungsmuster nicht vorhanden waren.

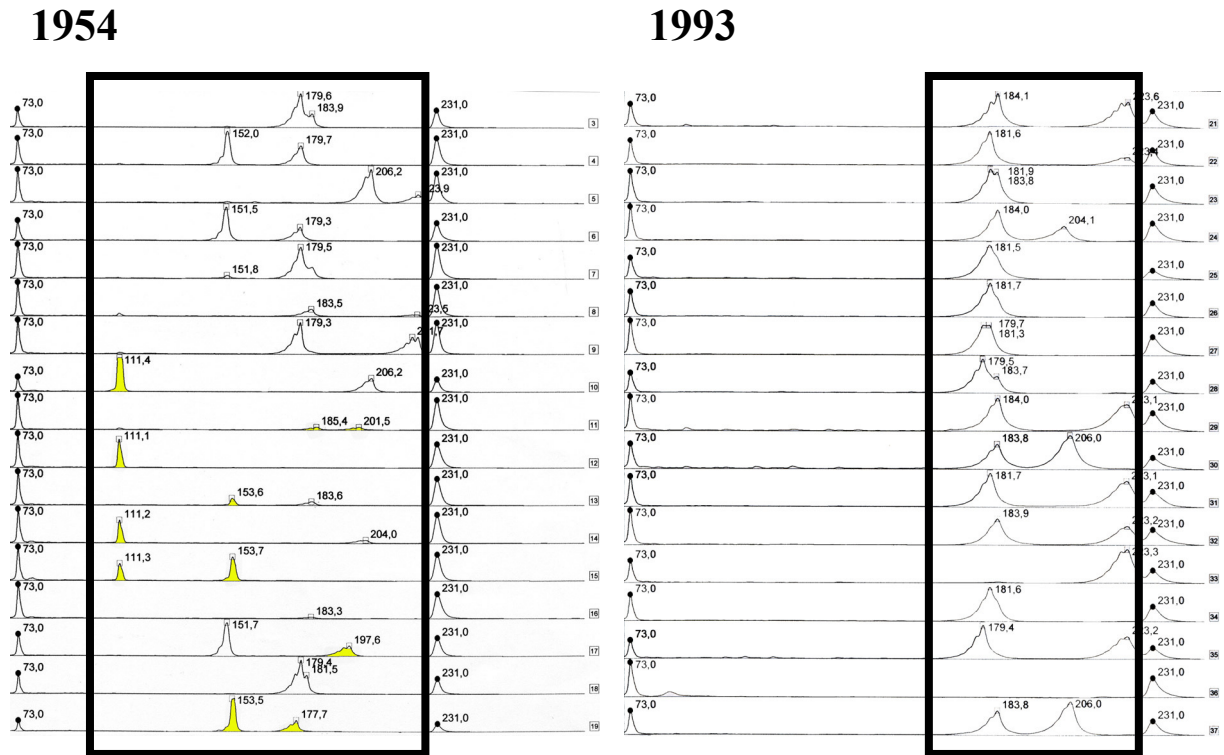


Abb. 1: PCR amplifizierte fragmente des Primers RMS12 der Akzession R78, stammend vom Vermehrungsanbau der Jahre 1954 (links) und 1993 (rechts)

Fig. 1: PCR-amplified fragments from the primer RMS12 for accession R78, originated from regenerations of 1954 (left) and 1993 (right)

Die erzielten Ergebnisse machen es erforderlich, das Management des Reproduktionsanbaus fremdbefruchtender Arten zu überarbeiten. Zunächst muss garantiert sein, dass eine genügend große Anzahl von Individuen angebaut wird, um die gesamte genetische Variabilität der Population zu erhalten. Kommt es zu einer drastischen Reduzierung der Pflanzenanzahl während des Anbaus, hervorgerufen durch abiotische (Frost, Trockenheit, Auswuchs) oder biotische (Krankheiten, Schädlinge) Stressfaktoren, sollte die Parzelle verworfen und der Anbau im nächsten Jahr wiederholt werden. Dies setzt jedoch voraus, dass genügend Restsaatgut vorrätig ist. Außerdem ist der Abstand zwischen den Parzellen bei räumlicher Isolierung zu maximieren, um die Möglichkeit von Fremdeinstäubung, welche die Ursache für das Auftreten ‚neuer‘ Allele sein muss, zu minimieren.

Zusammenfassung der Ergebnisse:

Selbstbefruchter Weizen

- Der Vergleich der DNA Muster zeigte einen hohen Grad an Übereinstimmung
- Kontaminationen durch Fremdeinstäubung oder Vermischung bei Ernte oder Aufbereitung waren nicht nachweisbar

Fremdbefruchter Roggen

- Verlust von Allelen nach mehrfach wiederholtem Reproduktionsanbau (50%)
- Auftreten von Allelen, die im Ursprungsmuster nicht vorhanden waren

Literatur

- ALAMEREW, S., CHEBOTAR, S., HUANG, X.Q., RÖDER, M.S. & A. BÖRNER (2004) Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers. *Gen Res Crop Evol* 51: 559-567.
- ANONYMUS (2005) Annual Report 2004, Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, im Druck.
- BÖRNER, A., CHEBOTAR, S. & V. KORZUN (2000) Molecular characterization of the genetic integrity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm after long-term maintenance. *Theor Appl Genet* 100:494-497.
- CHEBOTAR, S., RÖDER, M.S., KORZUN, V., SAAL, B., WEBER, W.E. & A BÖRNER (2003) Molecular studies on genetic integrity of open pollinating species rye (*Secale cereale* L.) after long term genebank maintenance. *Theor Appl Genet* 107: 1469-1476.
- DEHMER, K.J. (2003) Molecular diversity in the genus *Amaranthus*. In: Knüpffer, H., and J. Ochsmann (Eds.): Rudolf Mansfeld and plant genetic resources. Proceedings of a symposium dedicated to the 100th birthday of Rudolf Mansfeld. Gatersleben, Germany, 8-9 October 2001. *Schriften zu genetischen Ressourcen* 22: 208-214.
- FAO (1998) The state of the world's plant genetic resources for food and agriculture. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, 510 pp.
- HUANG, X.Q., BÖRNER, A., RÖDER, M.S. & M.W. GANAL (2002) Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theor Appl Genet* 105: 699-707.
- PLASCHKE, J., GANAL, M.W. & M.S. RÖDER (1995) Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers. *Theor Appl Genet* 91:1001-1007.
- RÖDER, M.S., PLASCHKE, J., KÖNIG, S.U., BÖRNER, A., SORRELLS, M.E., TANKSLEY, S.D. & M.W. GANAL (1995) Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Mol Gen Genet* 246:327-333.
- RÖDER, M.S., KORZUN, V., WENDEHAKE, K., PLASCHKE, J., TIXIER, M.-H., LEROY, P. & M.W. GANAL (1998) A microsatellite map of wheat. *Genetics* 149:2007-2023.

Genetische Diversität bei *Beta* - Messen und Bewerten als Entscheidungshilfe für eine effiziente *Ex-situ*- und *In-situ*-Erhaltung

*Genetic diversity of the genus *Beta* – measurement and valuation as decision guidance for efficient ex situ and in situ preservation measures*

LOTHAR FRESE¹

Zusammenfassung

In den vergangenen 25 Jahren hat unser Wissen über die Struktur der genetischen Diversität der Gattung *Beta* sowie über das Vorkommen nutzbarer Eigenschaften in Arten und Populationen zugenommen. Dieser Beitrag beschreibt die Struktur des Genpools der Gattung *Beta* und erörtert bislang wenig zur Kenntnis genommene populationsökologische Aspekte.

Ein möglichst umfassender Schutz pflanzengenetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft *in situ* würde Genbanken Freiräume für eine stärker aktive Gestaltung von Sammlungen mit dem Ziel eines effizienteren und qualitativ hochwertigen *Ex-situ*-Managements schaffen.

Im Bereich des *In-situ*-Managements sind die Zuständigkeiten auf Bund, Länder und Gemeinden verteilt und keineswegs klar geordnet. Die rechtliche Unbestimmtheit kann die Umsetzung notwendiger Maßnahmen erschweren. Im letzten Abschnitt wird auf dieses auch für andere Gattungen in Deutschland bedeutende Problem hingewiesen.

Summary

*Our knowledge on the structures of genetic diversity of the genus *Beta* as well as on the occurrence of useful traits in species and populations has increased during the past 25 years. This paper describes the structures of the *Beta* gene pool and discusses aspects of population ecology which have hardly been taken into consideration so far.*

An utmost complete protection of plant genetic resources for food and agriculture in situ would give scope to genebanks to shape collections in a more active manner. The aim would be to manage collections more efficiently and at a higher quality than today.

¹ Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ)
Genbank Braunschweig
Bundesallee 50
38116 Braunschweig

In the field of in situ management the competence is shared by Federal and State agencies and communities and is not at all clearly coordinated. The legal vagueness, a problem much more relevant to other genera in Germany, can hamper the implementation of required measures as pointed out at the end of this paper.

Einleitung

Nach LAWRENCE *et al.* (1995) benötigen wir nur eine zufällige Stichprobe von 172 Samen aus der Grundpopulation einer Art zur Konservierung von nahezu der gesamten genetischen Variation der betreffenden Art. Angesichts der rund 6 Millionen weltweit in Sammlungen pflanzengenetischer Ressourcen lagernden Mustern, wirkt diese Zahl sehr provokativ. Die Autoren mögen Recht haben oder nicht, sie erreichen zumindest ein Ziel: die kritische Reflexion über die Effizienz von Erhaltungsmaßnahmen im Bereich pflanzengenetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft.

Aus welchem Grund kam es zur Anhäufung von 6 Millionen Mustern, von denen ein Großteil als systembelastende Duplikate gelten, obwohl bereits vor fast 30 Jahren MARSHALL & BROWN (1975) eine optimale Sammlungsstrategie vorschlugen? Sammler folgten vermutlich nur einer Empfehlung von MARSHALL & BROWN (1975), nämlich nicht mehr als 50 und unter keinen Umständen mehr als 100 Pflanzen je Population zu beernten. Hinsichtlich der Anzahl an Populationen je Zielregion neigt man eher dazu, von möglichst vielen Populationen Stichproben zu nehmen. Bei der fremdbefruchtenden Wildrübe ist es gängige Praxis in 15-20 km Abstand oder nach jeder vermeintlichen geographischen Barriere Saatgut auf 50 Pflanzen einer Populationen zu ernten (DONEY, 1989). Diese Verfahrensweise ist pragmatisch und spiegelt zugleich Unsicherheit bezüglich der Frage wider: Was ist genug? Die Frage nach dem Genug lässt sich gegenwärtig nicht einfach beantworten, da wir die absolute Größe des Genpools von Gattungen nicht kennen. MARSHALL & BROWN (1975) schlagen daher vor, die in einem Teilareal vorkommende gesamte genetische Variation einer Art zu schätzen und in einem zweiten Schritt eine repräsentative Stichprobe zu sammeln. Beispiele für eine solche zweistufige Vorgehensweise sind allerdings in der Literatur nicht leicht zu finden.

Aber auch wenn die absolute Größe des Genpools einer Gattung unbekannt ist, können wir *Ex-situ*- und *In-situ*-Erhaltungsmaßnahmen planen, indem wir die genetischen Strukturen eines Genpools ermitteln und uns bei der Sammlung und Erhaltung von Material von diesen Strukturen leiten lassen. Anhand der Wildarten der Gattung *Beta* sei dies näher erläutert.

Messen und Bewerten von genetischer Diversität

Produkte evolutiver Prozesse innerhalb einer Gattung sind Sektionen, Arten und Unterarten, die mit Hilfe der Taxonomie beschrieben werden (Abb.1). Sie unterscheiden sich hinsichtlich ihres evolutionären Alters und im Verwandtschaftsgrad.

Die Gattung *Beta* besteht aus 4 Sektionen (BUTTLER, 1977a). In der Sektion *Beta* unterscheidet LETSCHERT (1993) 3 Arten und 3 Unterarten. Die Sektion *Corollinae* enthält 3 Basisarten und 2 Hybridsippen. Sektion *Nanae* ist monotypisch. Für die Sektion *Procumbentes* handhabt man gegenwärtig 3 Arten (BUTTLER, 1977a).

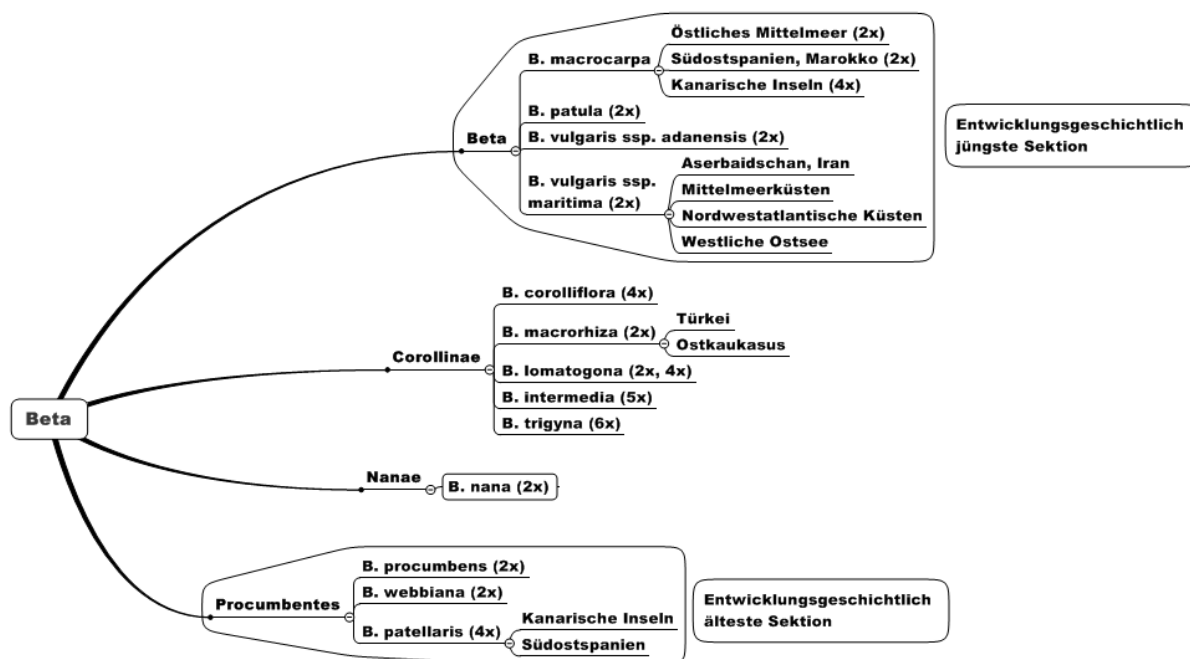


Abb. 1: Evolution und Taxonomie der Gattung *Beta*. In der Graphik sind Verbreitungsgebiete nur für jene Taxa dargestellt, bei denen eine räumliche Unterteilung in Formenkreise nachgewiesen wurde oder auf Grund geographischer Ausbreitungsbarrieren zu vermuten ist.

*Fig. 1: Evolution and taxonomy of the genus *Beta*. Distribution areas are only displayed for those taxa with a known spatial deviation in groups or for which a division can be assumed due to geographic distribution barriers.*

Da die Sektion *Procumbentes* zur Flora der Kanarischen Inseln gehört, die reich an Reliktarten ist, gilt diese als der älteste Teil der Gattung, gefolgt von der Sektion *Corollinae* und *Beta*. Die Kanarischen Inseln gelten daher als das älteste Siedlungsgebiet der Gattung. Mit Hilfe von DNA-Fingerprinting beschrieben JUNG *et al.* (1993) die genetischen Distanzen zwischen Arten innerhalb der Gattung und bestätigten im Wesentlichen die Einteilung der Gattung in die genannten vier Sektionen. Phylogenetisch steht die Sektion *Nanae* der Sektion *Corollinae* nahe und beide zusammen sind näher mit der Sektion *Beta* als mit der Sektion *Procumbentes* verwandt (SHEN *et al.*, 1997).

Das heutige Verbreitungsgebiet der Gattung kann man in zwei weitere Regionen mit entwicklungsgeschichtlich unterschiedlicher Bedeutung unterteilen. Im östlichen Mittelmeerraum lag vermutlich das aktivere Entwicklungszentrum, in dem

gemeinsame oder zumindest ähnliche Vorfahren der Sektion *Corollinae* und *Beta* siedelten (BOUGHEY, 1981). Die geologische und ökologische Differenzierung der Region leitete die divergente Entwicklung der Sektionen *Corollinae* und *Beta* ein. Erst mit der Orogenese des armenischen Hochlandes vor ca. 1,5 Millionen Jahren entstanden Gebirgsstandorte mit extremen Umweltbedingungen, an die sich die Sektion *Corollinae* anpasste. Formen der Sektion *Beta* breiteten sich dagegen entlang der Mittelmeerküsten westwärts aus. Da die atlantische Küste erst gegen Ende der letzten Eiszeit erobert werden konnte, gelten atlantische Populationen von *B. vulgaris* ssp. *maritima* als die phylogenetisch jüngsten Formen.

Die weitere Ausdifferenzierung der Sektionen lässt sich folgendermaßen beschreiben. Von den drei Arten der Sektion *Procumbentes* sind die diploiden Formen *B. procumbens* und *B. webbiana* offensichtlich sehr nahe verwandt und womöglich nur morphologische Varianten der gleichen Art. Die tetraploide *B. patellaris* ist davon deutlich unterschieden (BAROCKA, 1959, WAGNER *et al.*, 1989). Aufgrund des schwer zu beschaffenden Pflanzenmaterials der Art *B. nana* (Sektion *Nanae*) gibt es fast keine neueren Untersuchungen über diese in Griechenland endemische, selbstfertile und diploide (STRID UND TAN, 1997) Gebirgsart. NAGAMINE & FORD-LLOYD (1989) beschrieben 5 Isoenzyme, die für die *B. nana* spezifisch sind und fixiert auftreten.

Die Phylogenie der *Corollinae*-Arten ist noch nicht vollständig geklärt. BUTTLER (1977a) spricht von Entwicklungslinien innerhalb der Sektion mit den einander nahestehenden Arten *B. macrorhiza* (diploid) und *B. corolliflora* (tetraploid) sowie einer zweiten, an trockene und heiße Standorte angepasste und morphologisch divergente *B. lomatogona* (2x, 4x). Die apomiktische Hybridsippe *B. trigyna* (2x=54) steht der tetraploiden *B. corolliflora* nahe und ist vermutlich aus der Kreuzung von *B. lomatogona* (2x=18) x *B. corolliflora* (2x=36) hervorgegangen. Die apomiktische tetra- oder pentaploide Hybridsippe *B. intermedia* wird als Ergebnis der Kreuzung zwischen *B. lomatogona* und *B. trigyna* gedeutet. Der Aufbau von Polyploidkomplexen gilt im übrigen als Indiz für einen aktiven, anhaltenden Entwicklungsprozess innerhalb der Sektion *Corollinae*. Wie die genetische Diversität dieser Arten in der Türkei und angrenzenden Arealen räumlich verteilt ist, wurde abgesehen von einer Ausnahme, bislang nicht untersucht. Die Vermutung von BUTTLER (1977a), dass zwei getrennte Formenkreise der Art *B. macrorhiza* in Ostanatolien bzw. in Daghestan existieren, konnten REAMON-BÜTTNER *et al.* (1996) mit Hilfe von Isoenzym- und RAPD-Analysen untermauern.

ABE *et al.* (1987), LETSCHERT (1993) und SHEN *et al.* (1996) untersuchten die Verwandtschaftsbeziehungen zwischen annualen Wildrüben der Sektion *Beta*. Danach ist *B. macrocarpa* eindeutig von *B. vulgaris* ssp. *maritima* verschieden. Die geographisch stark isolierte *B. patula*, mit einem einzigen Vorkommen auf einer Wüsteninsel nahe Madeira, ist schon allein auf Grund der Morphologie deutlich von anderen Wildformen der Sektion zu unterscheiden. Sowohl *B. patula* als auch *B. vulgaris* ssp. *adanensis* besitzen Isoenzymallele, die auch in *B. vulgaris* ssp. *maritima* auftreten. Somit sind beide Wildrübenarten mit *B. vulgaris* ssp. *maritima* stärker verwandt als mit *B. macrocarpa*, die als die divergenteste Art innerhalb der

Sektion gilt (LETSCHERT, 1993; SHEN *et al.*, 1996). *B. macrocarpa* ist darüber hinaus im Unterschied zu ssp. *maritima* selbstkompatibel und selbstbefruchtend (BUTTLER, 1977b, BRUUN *et al.*, 1995). *B. patula* und *B. vulgaris* ssp. *adanensis* sind ebenfalls selbstverträglich. Sie neigen jedoch zu einer größeren Auskreuzungsrate und demzufolge größerer Heterozygotie innerhalb von Populationen und geringerer genetischer Diversität zwischen Populationen. Die genetische Diversität zwischen Populationen von *B. macrocarpa* ist demzufolge größer als die genetische Diversität innerhalb von Populationen wie LETSCHERT (1993) zeigen konnte.

Seit den Arbeiten von LETSCHERT (1993) wurden andere Markersysteme entwickelt und zur Beschreibung der genetischen Diversität insbesondere bei der Sektion *Beta* eingesetzt. Weil unterschiedliche Materialgruppen mit unterschiedlichen Markersystemen analysiert wurden, bleibt das Verständnis der Strukturen genetischer Diversität diffus. Die für die Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen so wichtige Frage „was ist genug“ lässt sich auf der Grundlage mit RAPD-, RFLP- oder AFLP-Markern berechneten Dendrogrammen nicht beantworten. Sie zeigen uns, dass bezogen auf die jeweiligen Materialgruppen und Markersysteme, genetische Unterschiede bestehen. Wie diese Unterschiede jedoch im Sinne einer effizienten Erhaltungsstrategie zu interpretieren sind, deren Hauptzweck in der Bewahrung züchterisch nutzbarer Variation besteht, wissen wir jedoch nicht.

Viel stärker als bisher ist die Populationsökologie, d.h. die Lehre von der qualitativen und quantitativen Entwicklung von Populationen einer Art und den Faktoren, die Einfluss auf die Populationsdynamik besitzen, bei der Planung von Erhaltungsmaßnahmen zu berücksichtigen. Es sind demographische Merkmale wie Zustand und Veränderungen von Populationen, populationsbiologische Merkmale wie Diasporenausbreitung, Diasporenbank, Lebensdauer, Bestäubungsmodus, Fortpflanzungssystem sowie der Lebensraumtyp und Ausbreitungsbarrieren, die den Evolutionsprozess, mithin die Strukturen genetischer Diversität, beeinflussen. Aber auch hier gilt, dass unser populationsökologisches Wissen bei *Beta* eher fragmentarisch ist. Was ist jedoch bekannt?

Diasporenausbreitung

Entscheidend für den Austausch von Erbmaterial zwischen Populationen ist, neben dem Pollenflug, die Diasporenausbreitung über größere Entfernungen. Sie erfolgt bei *B. vulgaris* ssp. *maritima* im Wesentlichen durch Abwaschungen vom Strand während der Herbststürme. Im Meerwasser überlebt Saatgut dieser Wildrübe 20-25 Wochen (DRIEBEN *et al.*, 2001), so dass nicht nur eine Ausbreitung entlang der Küste im Gezeitenhub in der Größenordnung von wenigen hundert Metern, sondern auch in Meeresströmungen in der Größenordnung von 50 km pro Tag möglich ist. *B. macrocarpa* dagegen besiedelt inländische Habitate; das Saatgut bleibt in der Nähe der Mutterpflanze liegen. *B. lomatogona* tritt in der Türkei im Getreideanbau als Ackerbegleitflora auf und wird nach BUTTLER (1977b) mit dem Erntegut über die traditionellen Dreschplätze verbreitet, ein Verbreitungsweg, der seit der Einführung moderner Dreschmaschinen an Bedeutung verliert (Abb. 2). Die Arten der Sektion *Procumbentes* bilden monogerme, runde und rollfähige Früchte, die vermutlich mit dem Wind verbreitet werden können.

Diasporenbank

Das Saatgut von Wildarten der Gattung *Beta* zeichnet sich durch eine unterschiedlich stark ausgeprägte Dormanz aus. Ein Teil der Samen von Populationen der verschiedenen Wildarten aus der Sektion *Beta* kann bereits kurz nach der Reife keimen. Die Dormanz ist demnach in der Sektion *Beta* variabel ausgeprägt. Wie viele Jahre Saatgut im natürlichen Habitat überleben kann ist nicht bekannt, vermutlich jedoch einige Jahre, wenn man bedenkt, dass unter günstigen Bedingungen (+3° C und 30% relative Luftfeuchte) Samen noch nach 10-15 Jahren keimen können. Zur Bildung einer langlebigen Diasporenbank sind besonders Arten der Sektion *Corollinae*, *Nanae* und *Procumbentes* befähigt. *Corollinae*-Arten bilden extrem hartschaliges Saatgut (Abb. 3).



Abb. 2: Traditioneller Dreschplatz in der Türkei

Fig. 2: Traditional threshing site in Turkey

(Photo: E. de Meijer)

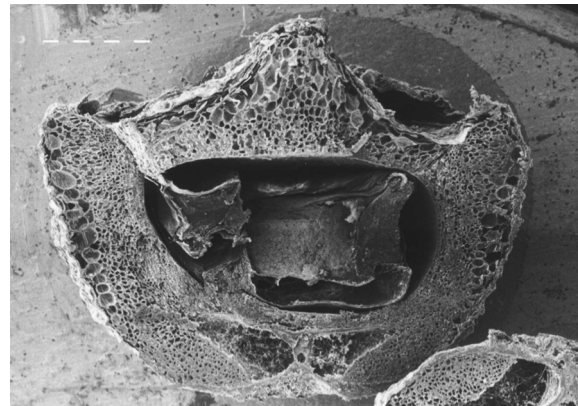


Abb. 3: Hartschalige Frucht der Art *B. patellaris*

*Fig. 3: Hard-seeded fruit of the species *B. patellaris**

(Photo: Dr. Menge-Hartmann, FAL)

Lebensdauer

In der Gattung finden sich alle Übergänge von den sehr kurzlebigen Individuen der Art *B. macrocarpa*, über zwei- bis mehrjährige Formen der Art *B. vulgaris* ssp. *maritima* bis hin zu den perennierenden Arten der Sektion *Corollinae* und *Nanae*.

Bestäubungsmodus

Die *Beta*-Rüben sind überwiegend windbestäubend (Abb. 4). Insbesondere die einjährigen Arten der Gattung neigen allerdings zur Selbstbestäubung, was unter anderem bei *B. macrocarpa* auch an der Blütenmorphologie (Abb. 5) erkennbar ist. Xenogame Arten der Sektion *Beta* besitzen, mit Ausnahme von *B. patula*, längere Filamente als autogame (DALE & FORD-LLOYD., 1983).

Reproduktion

Arten der Sektion *Beta*, die zur Selbstbestäubung neigen, sind gleichzeitig selbstkompatibel. Bei *B. vulgaris* ssp. *maritima* garantiert dagegen eine genetisch determinierte Selbstinkompatibilität sowie eine genetische als auch cytoplasmatisch-

genetische männliche Sterilität die Fremdbefruchtung. Die Sektion *Corollinae* enthält sowohl fremdbefruchtende als auch fakultative sowie obligat apomiktische Formen. Die diploiden Arten der Sektion *Procumbentes* sind selbstfertil, während die tetraploide Art *B. patellaris* selbstinkompatibel ist.

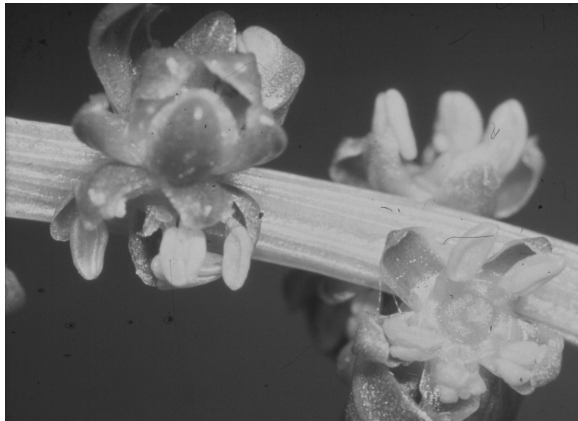


Abb. 4: Blüte von *B. vulgaris*. Die Perianthsegmente sind nach hinten gebogen, die Antheren stehen frei. Typische Blütenform einer fremdbestäubenden Form der Sektion *Beta*.

*Fig. 4: Flower of *B. vulgaris*. The perianth segments are bent over, the anthers are released. Typical flower of an outcrossing type of section *Beta*.*



Abb. 5: Blüte von *B. macrocarpa*. Die Perianthsegmente stehen aufrecht. Geschlossene Blütenform einer selbstbestäubenden Form der Sektion *Beta*.

*Fig. 5: Flower of *B. macrocarpa*. The perianth segments stand upright. Closed flower type of a self-pollinating type of section *Beta*.*

Lebensraum

Die Lebensräume zeichnen sich neben den klimatischen und geologischen Gegebenheiten vor allem durch die Dynamik und Form aus. *B. vulgaris* ssp. *maritima* besiedelt einen linearen, häufig gestörten, aber dennoch vernetzten Lebensraum: die Strände des Mittelmeers und der nordwestatlantischen Küsten sowie der westlichen Ostsee. Im Inland „inselförmig“ verbreitet sind *B. macrorhiza* auf Abbruchhalden am Fuß von Berghängen oder wie im Fall von *B. lomatogona* im Grasland; sie sind allerdings auch in linearen Lebensräumen (Feldränder, Bachläufe) zu finden. Arten der Sektion *Procumbentes* findet man entlang von Straßenrändern oder auf Ruderalflächen in der Nähe von Siedlungen.

Besiedlungsstrategien

Entsprechend ihres Lebensraumes entwickelten die Wildarten der Gattung *Beta* unterschiedliche Besiedlungsstrategien. Ein r-Strategie ist *B. vulgaris* ssp. *maritima* mit Einzelpflanzensaatguterträgen von 60 g bei einer Tausendkornmasse von ca. 15 g, d.h. unter günstigen Bedingungen kann eine Population von 50 Pflanzen rund 200.000 Früchte bestehend aus 2-3 Samen erzeugen. Innerhalb der Sektion

bestehen jedoch große Unterschiede je nach Dauer der vegetativen Phase, die im östlichen Verbreitungsareal sehr kurz (30-40 Tage) sein kann. So bilden fremdbefruchtende Formen rund sechsmal mehr Blüten als die selbstfertilen Formen (DALE & FORD-LLOYD, 1983). Hinsichtlich ihrer Besiedlungsstrategie sind Arten der Sektion *Procumbentes* den einjährigen Arten der Sektion *Beta* mit kurzer vegetativer Phase ähnlich. Den K-Strategen zuzuordnen ist *B. macrorhiza*, eine Art, die vergleichsweise wenig Saatgut erzeugt jedoch stabile, perennierende Bestände.

Ausbreitungsbarrieren

Über die Stärke geographischer Barrieren, die einen Austausch von Saatgut und Pollen zwischen Populationen verhindern, ist im Grunde bei *Beta* nicht viel bekannt. Das Vorkommen vieler Populationen der Art *B. vulgaris* ssp. *maritima* auf Inseln im gesamten Mittelmeerraum, im Nordwestatlantik, der Nordsee und der westlichen Ostsee sowie der *Procumbentes*-Arten auf den Kanarischen Inseln stabilisiert die genetischen Unterschiede zwischen Populationen. Die große räumliche Distanz zwischen dem östlichen und westlichen Teilareal der Art *B. macrocarpa* sowie der dazugehörigen kanarischen tetraploiden Form unterbindet den Genfluss ebenfalls wirkungsvoll. Auch die Meerengen von Gibraltar scheint eine geographische Barriere zu bilden, die den Austausch zwischen dem mediterranen und atlantischen Formenkreis von *B. vulgaris* ssp. *maritima* zumindest behindert (Abb. 1). Durch die Straße von Gibraltar bewegt sich die Oberflächenwasserströmung ostwärts (www.astrolink.de), d.h. entgegen der evolutionsgeschichtlich plausiblen Migrationsrichtung dieser Wildart. Saatgut kann vermutlich mit dem Oberflächenwasser nur vom atlantischen Teilareal in das mediterrane verbracht werden.

Vorstellbar ist auch, dass zwischen dem peripheren Verbreitungsareal für *B. vulgaris* ssp. (*maritima*) an der kaspischen Küste Aserbaidschans und des Irans sowie dem Hauptverbreitungsgebiet im Mittelmeerraum kein Materialaustausch erfolgt. Zurzeit verbreitet sich die Wildrübe *B. vulgaris* ssp. *maritima* auch entlang der Ostseeküsten (dänische Inseln, Fehmarn, Küste Schleswig-Holsteins) aus. DRIEBEN (2003) vermutet, dass diese Art durch Schiffsballast zu Zeiten der Handelssegelschiffahrt nach Dänemark verschleppt wurde. Wenn man annimmt, dass Sandballast heute keine Rolle als Verbreitungssubstrat mehr spielt, so kann das Ostseeareal zwar als ein sehr rezentes, kaum 200 Jahre altes, aber dennoch isoliertes angesehen werden. Die nächstgelegenen größeren Bestände dieser Art kommen in Südostengland und entlang des Ärmelkanals vor. Selbst wenn es Saatgut gelänge, diese Entfernung mit Meeresströmungen zu überbrücken, müsste es entgegen der im Jahresverlauf vorherrschenden westlichen Strömung des Oberflächenwassers (www.bsh.de - Bundesamt für Seeschifffahrt und Hydrographie) noch von der Nordspitze Dänemarks zu den dänischen Inseln gelangen.

Im Fall der Art *B. macrorhiza* bildet das Kaukasusmassiv vermutlich eine effiziente Barriere, die die Bildung eines türkischen und ostkaukasischen Formenkreises dieser Wildrübe förderte. Inwieweit die Gebirgstäler bzw. Bergrücken zur Isolierung der Populationen der *Corollinae*-Arten in der Türkei und *B. nana* in Griechenland beitragen, ist nicht bekannt.

Wenn man die evolutionsbiologisch bedeutenden Merkmale für die einzelnen Arten zusammenfassend betrachtet, kann man folgende Rückschlüsse ableiten:

Erstens, die genetische Raumstruktur² der Art *B. vulgaris* ssp. *maritima* ist nur schwach ausgeprägt und folgt einer kinalen Variation, wie sich beispielsweise anhand der Länge der vegetativen Phase zeigen lässt. Im östlichen Mittelmeerraum beträgt diese 30-40 Tage, im nordwestatlantischen Areal rund 200-250 Tage mit allen dazwischen liegenden Übergängen. Mechanismen erlauben die Ausbreitung großer Mengen Saatgutes über mittlere bis lange Distanzen. Windbestäubung und insgesamt drei verschiedene genetische Systeme erzwingen die Fremdbefruchtung. Wenige bzw. wenig wirksame geographische Barrieren verhindern bei dieser Unterart die Bildung geschlossener Formenkreise, wenngleich großräumige Unterschiede den Untersuchungen von LETSCHERT (1993) und KRAFT *et al.* (1997) zufolge existieren. Im Vergleich zum atlantischen Areal kommen eine größere Anzahl Allele im Mittelmeerraum vor. Die genetische Diversität innerhalb von Populationen ist in beiden Regionen in etwa gleich, die Differenzierung zwischen Populationen im Mittelmeerraum ist allerdings größer und einige Allele sind eher regional konzentriert. Hinsichtlich des Polymorphismus bei Isoenzym- und RFLP Markern bietet demnach der Mittelmeerraum eine größere Vielfalt als das atlantische Areal (LETSCHERT, 1993; KRAFT *et al.*, 1997). Bietet der Mittelmeerraum deshalb zwangsläufig auch eine größere Vielfalt an nutzbaren Eigenschaften, d.h. folgen nutzbare Eigenschaften dem gleichen Verteilungsmuster wie molekulare Marker? Diese Frage lässt sich zum heutigen Zeitpunkt nicht beantworten. Interessanterweise findet man allerdings einige der wichtigsten Donoren für die Resistenzzüchtung bei Rüben im atlantischen Areal, was unter anderem auch an der vergleichsweise einfachen Handhabung zweijähriger Formen in Evaluierungsprogrammen, d.h. an einer intensiveren Untersuchung des atlantischen Formenkreises, liegen kann.

Zweitens, die einjährigen Arten *B. macrocarpa* und *B. vulgaris* ssp. *adanensis* sind selbstfertil. Ihr Saatgut verbleibt eher im Umkreis der Mutterpflanzen bzw. kann durch menschliche Eingriffe im sehr spezifischen, begrenzten Lebensraum verbreitet werden. *B. macrocarpa* wächst in der Nähe oder auf Dämmen von Salinen (Abb. 6) und kann bei Erdarbeiten verschleppt und so auf kurze bis mittlere Distanzen verbreitet werden. Die vorhandene genetische Diversität ist unter solchen Voraussetzungen über viele verschiedene Populationen verteilt, die Diversität innerhalb der Populationen ist dagegen eher gering. Ein Indiz für den geringeren Genaustausch zwischen Populationen der Art *B. macrocarpa* sowie *B. vulgaris* ssp. *adanensis* ist der hohe Fixierungsindex F_{st} von 0,97 bzw. 0,87 (LETSCHERT, 1993), der die Abnahme des Heterozygotiegrades in den jeweiligen Populationen der Art/Unterart bezogen auf die Heterozygotie in der untersuchten Gesamtpopulation angibt.

² Die genetische Raumstruktur einer Art ist Ausdruck der räumlichen Verteilung der genetischen Diversität in der Landschaft (ROSENTHAL, 2003).



**Abb. 6: Salinengelände, ein Lebensraum von *B. macrocarpa*.
Abgebildet ist eine sorgfältig gepflegte Saline. Vernachlässigte Flächen bieten der Art bessere Bedingungen.**

*Fig. 6: Sea salt winning area, a habitat of *B. macrocarpa*.
A carefully managed saltern is shown. Neglected sites provide better survival conditions to the species.*

Drittens, die tatsächlich an einem Standort vorhandene genetische Diversität innerhalb fremdbefruchtender Basisarten der Sektion *Corollinae* (*B. corolliflora*, *B. macrorhiza*, *B. lomatogona*) ist vermutlich größer als die in einer zu einem bestimmten Zeitpunkt gezogenen Stichprobe ermittelte. Zumindest *B. corolliflora* produziert vergleichbar mit den zweijährigen Formen der Sektion *Beta* große Mengen an Saatgut. Aus der langlebigen Samenbank eines einzigen Jahres können sich, vorsichtig geschätzt, am natürlichen Standort in einem Zeitraum von bis zu 10 Jahren Jungpflanzen entwickeln. Da die drei Basisarten perennieren, leben Pflanzenkohorten unterschiedlicher Jahrgänge am gleichen Standort. Die genetische Diversität innerhalb von Populationen ist daher vermutlich größer als bei einjährigen, selbstbefruchtenden *Beta*-Arten und die Differenzierung zwischen den Populationen geringer (VITALIS *et al.*, 2004). Ob diese Annahme zutrifft, kann nicht mit Sicherheit beantwortet werden, da wegen der extremen Hartschaligkeit der *Corollinae*-Arten und der insgesamt zeitaufwändigen Pflanzenanzucht die Verteilung der genetischen Diversität innerhalb der einzelnen Basisarten nur ansatzweise untersucht wurde. Es ist bekannt, dass einzelne Populationen im Habitat eine breite phänotypische Variation zeigen, die als Hybridkomplex aus *B. corolliflora* und *B. lomatogona* interpretiert wird (A. TAN, pers. Mitteilung). Auch zeigt *B. corolliflora* stärkeren Polymorphismus als die Arten *B. macrorhiza* und *B. lomatogona* (REAMON-BÜTTNER *et al.*, 1996). Während bei den fremdbefruchtenden Arten der Sektion der Anteil genetischer Diversität innerhalb von Populationen an der gesamten Diversität vermutlich hoch ist, wird bei den apomiktischen Formen (*B. intermedia* und *B. trigyna*) eine stärker ausgeprägte genetische Raumstruktur vorliegen.

Viertens, eine Bewertung der Arten der Sektion *Nanae* und *Procumbentes* ist mangels hinreichend gesicherten Wissens nicht möglich. *B. nana* kommt auf

Bergmassiven Griechenlands ab 1800 m vor und die *Procumbentes*-Arten überwiegend auf Inseln. Die großen Entfernungen zwischen den Teilarealen sowie die Neigung zur Selbstbefruchtung sprechen für eine Verteilung der genetischen Diversität zwischen Populationen.

Entscheidungshilfen

Für die Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen stehen zwei grundsätzlich verschiedene, einander ergänzende Methoden zur Verfügung. Primäres Ziel der Sammlung und *Ex-situ*-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen ist die Sicherung nutzbarer Eigenschaften in Form von Genotypen, Genen und Allelen. Hierfür muss eine möglichst repräsentative Stichprobe der genetischen Diversität einer Art im natürlichen Verbreitungsareal aufgesammelt und *ex situ* konserviert werden. Hinsichtlich der Frage in welchen räumlichen Abständen aus Populationen Stichproben zu ziehen sind, spielt die oben beschriebene genetische Raumstruktur eine Rolle. Für jede Art/Unterart wird eine genetische Landkarte mit Angaben zur Populationsverteilung und -dichte, den bevorzugten Richtungen des Genflusses (analog zu Seekarten), zu den geographischen Barrieren und Angaben zu den spezifischen Eigenschaften (genetische Rohstoffe), die sich zufällig oder bedingt durch natürliche Selektion in einem Teilareal befinden, benötigt.

Fast flächendeckend wurde in den vergangenen drei Jahrzehnten im Verbreitungsareal Saatgut von Populationen der fremdbefruchtenden Art *B. vulgaris* ssp. *maritima* gesammelt. Vermutlich wurden mehr Stichproben aus gleichen Grundgesamtheiten gezogen, als zur Erhaltung der genetischen Diversität erforderlich wäre. Die einzelnen Akzessionen belasten möglicherweise das Genbankmanagement stärker als erforderlich. Wie kann die Erhaltung dieses Sortimentes effizienter (geringere Anzahl Akzessionen) und qualitativ besser (weniger Drift, bessere Sicherung erkannter Eigenschaften) gestaltet und der Nutzer möglicherweise sogar besser bedient werden?

Auf Grund von Kapazitätsgrenzen bei der Isolierung fremdbefruchtender Arten verwenden Genbanken relativ kleine effektive Populationsgrößen im Reproduktionsanbau mit Drift als Folge. Das Problem des zufälligen Verlustes von Allelen beschrieb schon FALCONER (1982). Danach können Allele mit einer Frequenz von 0,5 in der Ursprungspopulation innerhalb von 7-11 Generation verloren gehen oder fixiert werden, wenn man für die Reproduktion sehr kleine Populationen (N=10 Individuen) verwendet.

Denkbar wäre bei der fremdbefruchtenden Art *B. vulgaris* ssp. *maritima* ein etwas anderes Erhaltungsverfahren - ein zweistufiges *Ex-situ*-Management. Stufe 1 bestünde a) aus der Stichprobennahme entlang eines homogenen (Boden/Klima) Küstenabschnitts von deutlich mehr als 20 km Länge und b) dem Poolen und Reproduzieren des Materials unter Berücksichtigung einer sehr großen effektiven Populationsgröße. Dieser Pool kann sehr sorgfältig gepflegt werden, indem zum Beispiel aliquote Saatgutmengen jeder Einzelpflanze zur neuen Generation

zusammengefügt und eine größere als bisher übliche Menge als passives Muster langfristig konserviert wird. Stufe 2 bestünde in der Evaluierung des Pools, in dem einzelpflanzenweise nach nutzbaren Eigenschaften gesucht wird. Dies ist bei fremdbefruchtenden *Beta*-Arten ohnehin gängige Praxis geworden und es macht vermutlich keinen Unterschied, ob in einer Reihe mehr oder weniger gleichartiger Subpopulationen oder in den gepoolten Subpopulationen gesucht wird. Ob der Wahlund-Effekt (WAHLUND, 1928), d.h. die Abnahme homozygoter Genotypen im Pool in Relation zur Frequenz von Homozygoten in den Subpopulationen, die Effizienz von Evaluierungsarbeiten beeinflusst, wäre eine interessante Fragestellung.

Nutzbare Eigenschaften treten in Akzessionen fremdbefruchtender Arten in unterschiedlicher Frequenz auf (siehe Tab. 1, z.B. IDBB-Nr. 1223). Es ist vorstellbar, dass in Populationen mit kleiner effektiver Größe Merkmale mit geringer Frequenz, vor allem auch unter dem Selektionsdruck des Genbankstandortes, der i.d.R. nicht dem des natürlichen Standortes entspricht, durch Drift und Shift verloren gehen. Aus Einzelpflanzen mit den gewünschten Eigenschaften könnten dagegen merkmals-spezifische, hinsichtlich der Zieleigenschaft angereicherte Genbank-Akzession hergestellt und kontrolliert vermehrt werden. Durch entsprechende Tests, künftig auch durch sehr eng mit der nutzbaren Eigenschaft gekoppelte genetische Marker, ließe sich nach jeder Vermehrung überprüfen, ob die Zieleigenschaft im Muster noch vorhanden ist. An der Eigenschaft interessierte Nutzer wären an diesem Anreicherungsschritt sicherlich sehr interessiert. Auch eine sicherere Verknüpfung zwischen Evaluierungsdaten und Akzession wäre bei fremdbefruchtenden Arten gegeben, wenn die Eigenschaft mehr oder weniger fixiert in der Akzession vorkommt. Die „Merkmalspflege“ würde stärker in den Fokus des *Ex-situ*-Managements rücken. Zwar betonen *Ex-situ*-Genbanken stets, dass eine eindeutige Verbindung von Informationen und Material ein Vorzug der *Ex-situ*-Sammlung sei, dies muss aber nicht immer gegeben sein (siehe Drift).

Tab. 1: Häufigkeit BNYVV-resistenter Pflanzen innerhalb von Wildvorkommen der Art *B. vulgaris* ssp. (nach LUTERBACHER *et al.*, im Druck)

*Tab. 1: Frequency of BNYVV resistant plant within wild population of the species *B. vulgaris* ssp. (after LUTERBACHER *et al.*, in press)*

IDBB-Nr.	Taxon	Mittlerer Krankheitsindex	Prozent resistente Pflanzen
1223	<i>vulgaris</i>	7	8
6117	<i>maritima</i>	5	36
6188	<i>vulgaris</i>	7	8
9462	<i>maritima</i>	5	42
9473	<i>vulgaris</i>	7	9
9742	<i>maritima</i>	7	0
Holly (resistenter Standard)	<i>vulgaris</i>	2	100
Univers (anfälliger Standard)	<i>vulgaris</i>	7	0

Bei den selbstfertilen Arten der Sektion *Beta* sind Populationen getrennt zu halten. Ihr Verbreitungsareal ist relativ klein, klar gegliedert bzw. isoliert und, da im Vergleich zu *B. vulgaris* ssp. *maritima* nur wenige Fundorte bekannt sind, würde selbst eine intensive Stichprobennahme keine Kapazitätsprobleme bei der *Ex-situ*-Erhaltung verursachen.

Die Sektionen *Corollinae* und *Procumbentes* enthalten züchterisch wertvolle Eigenschaften, insbesondere Resistenzen gegen Krankheiten und Schädlinge. Wir verfügen hinsichtlich dieser Sektionen und der Sektion *Nanae* über recht gute taxonomische und botanische Kenntnisse; unsere Vorstellungen über die genetischen Strukturen der Arten beruhen allerdings mehr auf Indizien als auf gesicherten Daten. Entscheidungshilfen können deshalb nicht formuliert werden. Ein Aspekt ist jedoch wichtig: Aufgrund ihrer Anpassung an sehr spezifische Lebensräume, ist die *In-situ*-Erhaltung für Arten der Sektion *Corollinae* und *Nanae* die besser geeignete Methode.

Primäres Ziel der *In-situ*-Erhaltung ist der Schutz des Evolutionsprozesses. Aus Sicht von Entscheidungsträgern ist dies ein sehr vages Schutzziel, das auch mit den Planungszeiträumen einer Gesellschaft (1-2 Generationen?) nur schwer in Einklang zu bringen ist. Sinnvolle *In-situ*-Managementvorhaben binden sehr langfristig Flächen und, da diese kontrolliert und gepflegt werden müssen, auch Personalkapazität. Entscheidungen über die Einrichtung eines *In-situ*-Schutzareals mit den damit verbundenen finanziellen Verpflichtungen verlangen daher eine viel stärkere, langfristig haltbare Begründung als die Entscheidung, ob ein weiteres Saatgutmuster von einer Genbank aufgenommen werden soll.

MAXTED & HAWKES (1997) nennen eine Reihe grundsätzlicher Entscheidungskriterien für Schutzmaßnahmen, die für drei Arten der Gattung *Beta* in Tab. 2 näher ausgeführt werden. Hinsichtlich der Gestaltung von *In-situ*-Managementmaßnahmen gibt es jedoch mehr Fragen als Antworten. Den Kriterien von MAXTED & HAWKES (1997) zufolge sollten für *B. nana* umgehend Schutzmaßnahmen eingeleitet werden. Dagegen gilt bei Fachbotanikern (A. STRID, pers. Mitteilung) die Art als gesichert, obwohl sie auf der Roten Liste aufgeführt wird. Was ist also zutreffend?

Während Sammelreisen auf der Iberischen Halbinsel beobachtete Pflanzen der Art *B. macrocarpa* summieren sich zu einer gesamten Populationsgröße von ca. 1400 Individuen. Dies ist weit weniger als die minimale lebensfähige Populationsgröße (MVP, Minimal Viable Population) von 5000, die erforderlich ist, um evolutive Veränderungen und Anpassung an sich verändernde Umweltbedingungen zu gewährleisten. Ist die Art nun gefährdet oder nicht?

B. vulgaris ssp. *maritima* besiedelt ein sehr großes Verbreitungsareal und formt an geeigneten Standorten Populationen mit 1000 und mehr Individuen. Nach den Kriterien des Naturschutzes ist diese Wildart nicht bedroht, mithin sind Schutzmaßnahmen nicht notwendig. Aus züchterischer Sicht sind jedoch Populationen an jenen Standorten von besonderer Bedeutung, in denen nutzbare Eigenschaften auftreten bzw. entstanden sind (Po-Ebene und *Cercospora beticola*

Resistenz, Ostseeküste/Normandie und BNYVV Resistenz, und andere). Reicht aber das Auftreten nutzbarer Eigenschaften bereits als Begründung für ein *In-situ*-Vorhaben aus? Welches Land ist zuständig für eine Erhaltungsmaßnahme, falls die genetisch identische Eigenschaft in verschiedenen Teilarealen in Europa vorkommt?

Tab. 2. Entscheidungskriterien für die Auswahl von Arten. Die Einrichtung von *In-situ*-Erhaltungsarealen erfordert einen transparenten Abwägungs- und Entscheidungsprozess.

Tab. 2. Decision criteria for the selection of species. The establishment of in situ management areas requires a transparent decision making process.

Kriterium	Taxon		
	<i>B. nana</i>	<i>B. macrocarpa</i>	<i>B. vulgaris ssp. maritima</i>
Gegenwärtiger Schutzstatus	Rote Liste, <i>Ex-situ</i> -Erhaltung schwierig	Nicht geschützt. 45 Akzessionen in Genbanken vorhanden.	Nicht geschützt. Zahlreiche Akzessionen in Genbanken vorhanden.
Risiko: genetische Erosion	Unbekannt	Vermutlich Habitatverluste	In bestimmten Arealen Habitatverluste (z.B. Niederlande)
Ökonomischer Nutzen	Unbekannt	Gering aber vorhanden	Groß
Nationale Verantwortung	Griechenland, jedoch kein züchterisch / ökonomisches Interesse an der Art.	Israel, Griechenland, Spanien, Portugal. Art findet bislang keine Beachtung.	Viele Staaten
Genetische Raumstruktur	Sieben Fundorte, endemisch, voneinander isolierte Areale	Drei wesentliche Teilareale, innerhalb der Areale vermutlich fragmentiert	Schwach ausgeprägt. Populationen mit nutzbaren Eigenschaften können Arealen zugewiesen werden.
Dauerhaftigkeit von Maßnahmen	Tatsächlicher Zustand der Populationen ist unbekannt	Tatsächlicher Zustand der Populationen ist unbekannt	Aktueller Zustand der „nutzbaren“ Populationen unbekannt
Schlussfolgerung	Situationsüberprüfung erforderlich	Situationsüberprüfung erforderlich	Ist eine Situationsüberprüfung erforderlich oder ist die <i>Ex-situ</i> -Erhaltung ausreichend ?

Im Idealfall können *In-situ*-Erhaltungsmaßnahmen in bestehende Naturschutzflächen integriert werden. Falls die schützenswerte Population außerhalb dieser Flächen liegt, muss im Fall von Flächennutzungszielkonflikten mit den zuständigen Behörden und Landeignern vor Ort über Lösungswege gesprochen werden. Wer verfügt jedoch über die entsprechende Zuständigkeit und Entscheidungskompetenz? Vor allem

wenn der Schutz von Populationen nicht über allgemeine Maßnahmen des Landschafts- und Naturschutzes zu gewährleisten ist, oder aus besonderen Gründen einzelne Populationen einer Art aktiv in einem Schutzgebiet bewirtschaftet werden sollen, bedarf es einer sehr sorgfältigen Begründung für solche Maßnahmen. Der Kurator einer Genbank ist relativ autonom hinsichtlich der Entscheidung, ob ein Muster konserviert werden soll oder nicht. Im Fall des *In-situ*-Managements findet die Maßnahme jedoch auf Flächen statt, um deren Nutzung unterschiedlichste Interessensgruppen konkurrieren können. Die Begründung für die Ausweisung von Schutzarealen muss daher nicht nur fachlich solide sein, sondern auch gesetzlichen Bestimmungen entsprechen. Letztlich ist eine Entscheidung für oder gegen die Einrichtung eines *In-situ*-Managementareals eine politisch-administrative, die auf gesetzlicher Grundlage gefällt werden muss. Die dafür erforderlichen Regelungen sind in unserem Land allerdings noch nicht gegeben.

Literatur

- ABE, J., NAKASHIMA, H. & C. TSUDA (1987): Isozyme variation and species relationships in the genus *Beta*. *Memoirs of the Faculty of Agriculture, Hokkaido University, Sapporo, Japan*, 15 (2), 131.
- BAROCKA, K.H. (1959): Die "einzelfrüchtigen" Arten der Gattung *Beta* L. im Hinblick auf ihre mögliche Verwendung zur Einkreuzung in *Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris* (Zucker- und Futterrübe). *Züchter* 29, 193-203.
- BOUGHEY, C.L. (1981): Evolutionary and taxonomic studies in wild and cultivated beets. Ph.D. thesis, University of Birmingham.
- BRUUN, L., HALDRUP, A., PETERSEN, S.G., FRESE, L., DE BOCK, TH.S.M. & W. LANGE (1995): Self-incompatibility reactions in wild species of the genus *Beta* and their relation to taxonomical classification and geographical origin. *Genetic Resources and Crop Evolution* 42, 293-301.
- BUTTNER, K.P. (1977a): Revision von *Beta* Sektion *Corollinae* (*Chenopodiaceae*) I. Selbststerile Basisarten. *Mitt. Bot. München* 13, 255-336.
- BUTTNER, K.P. (1977b): Variation in wild populations of annual beet (*Beta*, *Chenopodiaceae*). *Plant Syst. Evol.* 128, 123-136.
- DALE, M.F.B. & B.V. FORD-LLOYD (1983): Reproductive characters associated with breeding behaviour in *Beta* sect. *Beta* (*Chenopodiaceae*). *Pl. Syst. Evol.* 143, 277-283.
- DONEY, D.L. (1989): Population dynamics of *Beta vulgaris* ssp. *maritima* L. (sea beet) in the British Isles. In IBPGR, Report of an international workshop on *Beta* genetic resources held at the CGN, Wageningen, The Netherlands, 98-105.
- DRIEBEN, S., POHL, M. & D. BARTSCH (2001): RAPD-PCR analysis of the genetic origin of sea beet (*Beta vulgaris* ssp. *maritima*) at Germany's Baltic Sea coast. *Basic and applied ecology* 2, 341-349.
- DRIEBEN, S. (2003): *Beta vulgaris* subsp. *maritima* an Deutschlands Ostseeküste. Kartierung, genetische und physiologische Charakterisierung und ihre Rolle als Kreuzungspartner für transgene Zuckerrüben. Dissertation, Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften der RWTH Aachen.

- FALCONER, D.S. (1982): Introduction to quantitative genetics. 1. Population genetics. William Clowes Ltd., Beccles and London.
- JUNG, C., PILLEN, K., FÄHR, S. & A.E. MELCHINGER (1993): Phylogenetic relationships between cultivated and wild species of the genus *Beta* revealed by DNA "fingerprinting". TAG 96, 449-457.
- KRAFT, T., FRIDLUND, B., HJERDIN, A., SÄLL, T. TUVESSON, S. & C. HALLDÉN (1997): Estimating genetic variation in sugar beets and wild beets using pools of individuals. Genome 40, 527-533.
- LAWRENCE, M.J., MARSHALL, D.F. & P. DAVIES (1995): Genetics of genetic conservation. I. Sample size when collecting germplasm. Euphytica 84, 89-99.
- LETSCHERT, J.P.W. (1993): *Beta* section *Beta*: biogeographical patterns of variation and taxonomy. Ph.D. thesis, Wageningen Agricultural University Papers 93-1.
- MARSHALL, D.R. & A.H.D. BROWN (1975): Optimum sampling strategies in genetic conservation. In Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow (eds. O.H. FRANKEL AND J.G. HAWKES), Cambridge University Press, Cambridge, 53-80.
- MAXTED, N. & J.G. HAWKES (1997): Selection of target taxa. In N. Macted, B.V. Ford-Lloyd and J.G. Hawkes, eds., Plant genetic conservation – the in situ approach. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands.
- NAGAMINE, T. & B.V. FORD-LLOYD (1989): New genetic markers in a wild species of beet (*Beta nana* Boiss. et Heldr.): prospects for utilization. Plant Breeding 102, (4), 23-26.
- REAMON-BÜTTNER, S.M., WRICKE, G., & L. FRESE (1996): Interspecific relationship and genetic diversity in wild beets in section *Corollinae* genus *Beta*: Isozyme and RAPD analyses. Genetic Resources and Crop Evolution 43, 261-274.
- ROSENTHAL, G. (2003): Bedeutung evolutionsbiologischer Prozesse für Landschaftsplanung und Naturschutz. Natur und Landschaft 87(12), 497-506.
- SHEN, Y., NEWBURY, H.J. & B.V. FORD-LLOYD (1996): The taxonomic characterisation of annual *Beta* germplasm in a genetic resources collection using RAPD markers. Euphytica 91, 205-212.
- SHEN, Y., FORD-LLOYD, B.V. & H.J. NEWBURY (1997): Genetic relationships within the genus *Beta* determined using both PCR-based marker and DNA sequencing techniques. Heredity 80, 624-632.
- STRID, A. & K. TAN, EDS. (1997): Flora Hellenica, Volume One. Koeltz Scientific Books, Königstein, Deutschland.
- VITALIS, R., GLEMIN, S. & I. OLIVIERI (2004): When genes go to sleep: the population genetic consequences of seed dormancy and monocarpic perenniality. American Naturalist 163 (2), 295-311.
- WAGNER, H., GIMBEL, E.-M. & G. WRICKE (1989): Are *Beta procumbens* Chr. Sm. and *Beta webbiana* Moq. different species? Plant Breeding 102, 17-21.
- WAHLUND, S. (1928): Zusammensetzungen von Populationen und Korrelationserscheinungen vom Standpunkt der Vererbungslehre aus betrachtet. Hereditas 11, 65-106.

Genetisches Langzeitmonitoring im Wald unter Berücksichtigung von *In-situ*- und *Ex-situ*-Erhaltungsmaßnahmen

Forest genetic long-term monitoring with regard to in-situ and ex-situ conservation measures

WERNER D. MAURER¹

Zusammenfassung

Im Sommer 2004 wurde von der Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ nach mehrjähriger intensiver Vorarbeit das „Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland“ fertiggestellt. Ein solches Konzept war deshalb erforderlich geworden, weil das im Jahr 2000 neugefasste, von der Forstchefkonferenz bestätigte „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der forstlichen Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ die Entwicklung der Grundlagen für ein genetisches Monitoring im Wald fordert. Mehr noch wird die Umsetzung des genetischen Monitoring-Konzepts als ein wichtiger Schritt zur Realisierung des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt (ÜBV) betrachtet, welches in Artikel 7b die Überwachung der relevanten Aspekte der biologischen Vielfalt als notwendig erachtet.

Im vorliegenden Beitrag geht der Autor auf die Ziele sowie die anstehende Durchführung der erarbeiteten Konzeption ein. Anhand von Kriterien, Indikatoren und Verifikatoren wird der Zustand der genetischen Systeme bei Waldbaumpopulationen auf genetischer wie auch auf phänologischer und physiologischer Ebene mit dem Ziel erfasst, insbesondere zeitliche Entwicklungen zu verfolgen und Einflussfaktoren abzuschätzen. Für die Umsetzung in die Praxis werden Kriterien hinsichtlich der Auswahl der Baumarten und Monitoringflächen vorgeschlagen. Einige Fallbeispiele mit den Baumarten Rotbuche (*Fagus sylvatica*), Fichte (*Picea abies*) und Traubeneiche (*Quercus petraea*), die vor bzw. während der Ausarbeitung des genetischen Monitoring-Konzepts begonnen worden waren, werden abschließend gestreift.

Summary

In summer 2004 the Expert Group “Genetic Monitoring” of the Federal-State Working Group “Forest Genetic Resources and Forest Seed Legislation” completed, after

¹ Koordinator der Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ in der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“;
SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF) Rheinland-Pfalz
Abt. Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung
Schloss
67705 Trippstadt/Pfalz

several years of extensive preparatory work, the “Concept on the Genetic Monitoring for Forest Tree Species in the Federal Republic of Germany”. Such a concept had to be urgently established since the “Concept on the Conservation and Sustainable Utilization of Forest Genetic resources in the Federal Republic of Germany”, as revised in 2000 and authorized by the Forest Chief Conference, demands the development of the fundamentals of a genetic monitoring to be performed in the forests. Moreover, the realization of this concept is regarded an essential step in realizing the Convention on Biological Diversity (CBD) which postulates in its paragraph 7b the surveillance of the relevant constituents of biodiversity.

*In this contribution the objectives as well as the realization of the elaborated conception are presented. On the basis of criteria, indicators and verifiers the status of the genetic systems of forest tree populations on the genetic as well as the phenological and physiological levels is assessed particularly in order to follow temporal developments and to estimate influential factors. Regarding the selection of the tree species and monitoring plots, criteria are suggested for practical application. Some case studies concerning the tree species European beech (*Fagus sylvatica*), Norway spruce (*Picea abies*) and Sessile oak (*Quercus petraea*) that had already been initiated prior to resp. during the time of elaborating the forest genetic monitoring concept, are reported finally.*

1 Einleitende Vorbemerkungen

1.1 Convention of Biological Diversity (CBD)

Mit der Convention of Biological Diversity (CBD) [dt.: Übereinkommen über die Biologische Vielfalt (ÜBV)] wurde 1992 beim UNCED-Weltgipfel in Rio de Janeiro erstmals und weltweit die fundamentale, universell geltende und zentrale Bedeutung der biologischen Vielfalt - auch als „Biodiversität“ bezeichnet - propagiert, auf die Notwendigkeit und Dringlichkeit ihrer Erhaltung hingewiesen sowie die Sicherung ihrer Bestandteile als vordringliche Aufgabe auf nationaler wie internationaler Ebene vereinbart.

1.2 Biologische Vielfalt respektive Biodiversität

In diesem Kontext wird in Artikel 2 „Begriffsbestimmungen“ des ÜBV auch der Begriff „biologische Vielfalt“ eindeutig definiert. Biodiversität beinhaltet demnach „die Variabilität unter lebenden Organismen jeglicher Herkunft, darunter u.a. Land-, Meeres- und sonstige aquatische Ökosysteme und die ökologischen Komplexe, zu denen sie gehören“; sie umfasst „die Vielfalt innerhalb der Arten und zwischen den Arten und die Vielfalt der Ökosysteme.“ Die im Verlauf evolutiver Prozesse entstandene genetische Vielfalt bildet eine wichtige Grundlage für die hohe Anpassungsfähigkeit der Organismen an verschiedenste und sich weiterhin ändernde Umweltbedingungen. Sie ist daher auch zukünftig von entscheidender Bedeutung für das Überleben von Arten und die Erhaltung vielfältiger Ökosysteme.

Wenn auch prinzipiell hierarchisch in drei aufeinanderfolgenden Stufen angeordnet, stehen

- die genetische Diversität (d.h. die erbliche Variation innerhalb und zwischen Populationen von Arten; sie ist die unterste Stufe),
- die Artendiversität (das ist die Anzahl der verschiedenen Arten in bestimmten Raumausschnitten; sie stellt die mittlere Stufe dar) und
- die Lebensraum- oder Ökosystemdiversität (d.h. die Vielfalt an Biomen *resp.* Lebensräumen *resp.* Biotopen in Landschaften oder Landschaftsausschnitten; sie repräsentiert mit ihrer Komplexität die oberste Stufe)

letztlich gleichwertig zueinander (ANONYMUS 1997).

1.3 Überwachung der Bestandteile der biologischen Vielfalt

Weiterhin wird in Artikel 7b „Bestimmung und Überwachung“ des ÜBV in Hinsicht auf die nachfolgenden Artikel 8 „*In-situ*-Erhaltung“, Artikel 9 „*Ex-situ*-Erhaltung“ und Artikel 10 „Nachhaltige Nutzung von Bestandteilen der biologischen Vielfalt“ festgelegt, dass eine Überwachung der Bestandteile der biologischen Vielfalt vorzunehmen ist wie auch die Wirkungen von Vorgängen, die erhebliche nachteilige Auswirkungen auf die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt haben oder wahrscheinlich haben, zu überwachen sind.

Diese Vorgaben sind bei uns in Deutschland in der nationalen Gesetzgebung verankert (ANONYMUS 2003a). Sie bedingen im forstlichen Bereich, da soweit nicht vorhanden, auf der Ebene der genetischen Diversität die Erstellung eines Konzeptes bezüglich eines nach Möglichkeit langfristigen genetischen Monitorings für Waldbaumarten sowie dessen Umsetzung in die Praxis.

1.4 Genetisches (Langzeit-)Monitoring im Forstbereich

Diesem gesetzlichen Auftrag wurde dahingehend Rechnung getragen, dass im Jahre 2000 bei der Neufassung des ursprünglichen, in der zweiten Hälfte der 1980er Jahre von der vormaligen Bund-Länder-Arbeitsgruppe (BLAG) „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ erstellten „*Konzepts zur Erhaltung der forstlichen Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland*“ (BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE 1989), nun als „*Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland*“ (BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE 2000) bezeichneten aktualisierten Version als neuer Schwerpunkt auch das genetische Langzeit-Monitoring Eingang in die forstliche Generhaltungskonzeption fand.

So wird im Abschnitt 7.5 Langzeit-Monitoring festgehalten, dass „die Kontrolle der Entwicklung der genetischen Vielfalt für die Durchführung des Gesetzes zum ÜBV

(Artikel 7, Absatz b) erforderlich ist“ (vgl. hierzu ANONYMUS 2003). Es wird weiterhin vorgegeben, dass „... zur Umsetzung dieser Bestimmungen Grundlagen für ein genetisches Langzeitmonitoring mit dem Ziel entwickelt werden müssen, um räumliche und zeitliche Veränderungen genetischer Strukturen von Baum- und Straucharten zu erfassen.“ In der Zielsetzung sollen „die Ergebnisse des Monitorings als Entscheidungshilfen für Forstwirtschaft, Natur- und Artenschutz zur Erhaltung der genetischen Ressourcen und ihrer nachhaltigen Nutzung dienen“ (BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE 2000).

Damit ist der erforderlichen Forschung im Bereich der Biodiversität im Walde und namentlich auf dem Teilgebiet der Forstgenressourcen eine eindeutig legitimierte Grundlage gegeben (vgl. hierzu auch HINRICHS & MÜNCH 2004).

2. Konzeption eines genetischen (Langzeit-)Monitorings

2.1 Expertengruppe „Genetisches Monitoring“

Im Vorfeld der Aktualisierung und Neufassung des vorgenannten forstlichen Generhaltungskonzepts wurde von der BLAG im Jahre 1998 eine Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ ins Leben gerufen, die mit der Aufgabe betraut wurde, auf der Basis wissenschaftlichfundierter Kenntnisse eine grundsätzliche Konzeption für ein genetisches Langzeit-Monitoring² im Walde zu erarbeiten sowie der BLAG Vorschläge für dessen Umsetzung in der forstlichen Praxis zu unterbreiten. Diese *ad hoc*-Gruppe setzt sich schwerpunktmäßig aus Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern zusammen, die in den forstgenetischen Labors der Forschungs- und Versuchsanstalten der Länder sowie der Bundesanstalt für Forst und Holz arbeiten und über entsprechende genetische Fachkenntnisse und Erfahrungen verfügen. Bei besonderen Fragestellungen, z.B. des Probenahmedesigns und der Statistik werden im Bedarfsfall Spezialisten aus anderen relevanten wissenschaftlichen Forschungsrichtungen zu Rate gezogen. Eine Liste des bis dato aktiven Personenkreises ist am Ende dieses Beitrags aufgeführt.

2.2 Inhalte der Konzeption

In seiner nunmehr vorliegenden, von der o.a. BLAG bei ihrer kürzlich abgehaltenen 2. Halbjahressitzung am 10./11. November 2004 am Landesforstpräsidium (LFP) Pirna-Graupa (Sachsen) genehmigten Endversion trägt die Konzeption den Titel *„Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik*

² Aus pragmatischen Gründen wurde dieser Begriff, ohne den Blick auf die Langfristigkeit mindern zu wollen, in „genetisches Monitoring“ verkürzt und findet solchermaßen wie auch im Folgenden seine diesbezügliche Verwendung.

Weiterhin sei angemerkt, dass diese Art eines genetischen Monitorings nicht verwechselt werden darf mit einem genetischen Monitoring aus dem Bereich des Arbeitsschutzes, wo es in diesem Zusammenhang die regelmäßige Prüfung auf Chromosomenabweichungen in Zellproben einer Person, die an ihrem Arbeitsplatz genschädigenden Stoffen ausgesetzt ist, bedeutet (ANONYMUS 2003b).

Deutschland“ (Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ 2004). Da eine Veröffentlichung des Textes an anderer Stelle vereinbart ist, soll nachfolgend eine knappe inhaltliche Angabe genügen.

In den einleitenden **Vorbemerkungen** wird darauf verwiesen, dass der Erhaltung der genetischen Vielfalt von Waldbaumpopulationen durch den Schutz der genetischen Systeme besondere Bedeutung zukommt. Unter genetischem System sind all die Mechanismen zu verstehen, die der Erzeugung, Bewahrung und Modifikation genetischer Variabilität sowie ihrer Weitergabe an die Folgegeneration dienen. Die genetische Diversität bestimmt die Anpassungsfähigkeit und Leistungsfähigkeit von Waldbäumen und ist demzufolge die Grundlage einer nachhaltigen Entwicklung von Waldökosystemen wie auch eine wesentliche Voraussetzung für eine multifunktionale Forstwirtschaft mit naturnahen Bewirtschaftungsprinzipien.

Wenngleich derzeit eine Reihe von Monitorprogrammen in Natur- und Wirtschaftswäldern auf nationaler wie auf internationaler Ebene durchgeführt werden, so kommt der genetischen Ebene als der essentiellen Grundlage der biologischen Vielfalt eher eine unzureichende Rolle zu. Ergebnisse von punktuellen und kurzfristigen Fallstudien machen deutlich, dass natürliche und anthropogene Einflüsse populationsgenetische Prozesse verändern können. Wiederholte Zustandserfassungen sowie das Studium von Zeitreihen sind daher erforderlich, um diese Veränderung der genetischen Systeme verfolgen zu können. Demzufolge ist es Gebot der Stunde, genetische Aspekte grundsätzlich in das forstliche Monitoring zu integrieren.

Hinsichtlich seiner **Zielsetzung** soll das genetische Monitoring den Zustand und die Entwicklung genetischer Systeme anhand von Kriterien, Indikatoren und Verifikatoren dahingehend erfassen, dass eine Abschätzung und Bewertung der Wirkung von Einflussfaktoren auf das genetische System von Wäldern möglich wird. Damit kommt dem genetischen Monitoring zudem eine entscheidende Rolle als Frühwarnsystem für Ökosystemveränderungen, die erst in nachfolgenden Waldgenerationen auf übergeordneten Monitoringebenen sichtbar werden (z.B. Bestandesstruktur, Vitalität, Naturverjüngung), zu. Grundsätzlich sollen die Ergebnisse des genetischen Monitorings der Forstpraxis, dem Naturschutz und bei der Politikberatung als Entscheidungshilfen dienen wie auch der Wissenschaft und dem Informationsaustausch mit anderen Monitoring-Systemen zur Verfügung stehen.

In seiner **Durchführung** und **Realisierung** schließt das genetische Monitoring die periodische, stichpunktartige oder flächenweise Aufnahme genetischer Strukturen und Charakteristika des genetischen Systems von Waldbäumen ein und muss sowohl bewirtschaftete als auch seit längerem unbewirtschaftete bzw. neuerdings aus der Bewirtschaftung herausgenommene Wälder einbeziehen. Die Untersuchungen beinhalten nicht ausschließlich Studien zu den genetischen Strukturen, sondern berücksichtigen auch phänotypische und phänologische Merkmale, die mit dem genetischen System in Verbindung stehen. Nach Möglichkeit soll auf vorhandene Flächen, bewährte Markersysteme, verfügbare Datenpools, relevante Computersimulationsmodelle etc. zurückgegriffen werden, um den

erforderlichen Aufwand so niedrig und die Effizienz so hoch wie nur möglich zu gestalten. Bezüglich der **Berichterstattung** wird der Sachstand zum genetischen Monitoring u.a. in den periodischen Berichten der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „*Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht*“ und der forstlichen Umweltkontrolle des BMVEL dokumentiert.

Das Konzept wird ergänzt durch zwei Anhänge: **Anhang 1** „*Kriterien, Indikatoren und Verifikatoren für ein genetisches Monitoring in Wäldern*“ beinhaltet wesentliche Definitionen und Erläuterungen zum genetischen System, die auf den Überlegungen von NAMKOONG *et al.* (1996) beruhen. **Anhang 2** „*Methodik*“ gibt Richtlinien für die Auswahl geeigneter Baumarten und die Auswahl und Einrichtung der Monitoringflächen sowie Details hinsichtlich der Inventur zu Parametern des genetischen Systems an; zudem finden sich hier Hinweise zum Datenmanagement sowie der Datenauswertung und Möglichkeiten der Modellierung mit Computersimulationsprogrammen.

Unter Berücksichtigung insbesondere der Parameter „Gefährdung“, „Seltenheit“, „wirtschaftliche Bedeutung“, „Bestäubung und Samenverbreitung“ und „Marker“ wurde eine Vorschlagsliste erarbeitet, nach der ein genetisches Monitoring der nachstehenden Baumarten empfohlen wird:

- bei Laubbaumarten: Rotbuche (*Fagus sylvatica*),
Eichen (*Quercus spec.*);
- bei Nadelbaumarten: Weißtanne (*Abies alba*),
Fichte (*Picea abies*);
- bei insektenbestäubten Baumarten: Winterlinde (*Tilia cordata*),
Vogelkirsche (*Prunus avium*);
- bei Reliktbaumarten: Schwarzpappel (*Populus nigra*),
Ulmen (*Ulmus spec.*).

3 Umsetzung des genetischen Monitorings

3.1 Bisherige Maßnahmen zur Einleitung genetischer Monitorings

Während des Zeitraums der Erarbeitung des Konzepts zum genetischen Monitoring sind bereits erste diesbezügliche Ansätze auf der Ebene einiger weniger Bundesländer konkretisiert worden. In Rheinland-Pfalz und Hessen bezogen sich diese Maßnahmen schwerpunktmäßig auf Flächen von sog. Naturwaldreservaten, d.h. auf Bestände, die zum Zwecke der Beobachtung einer eigendynamischen Entwicklung ohne jeglichen unmittelbaren anthropogenen Einfluss aus der Bewirtschaftung herausgenommen worden waren (vgl. hierzu BALCAR & MAURER 2004). Solche Naturwaldreservate sind stets mit nach Möglichkeit naturnah bewirtschafteten Vergleichsbeständen gekoppelt. Mit geringfügigen Einschränkungen tragen die Naturwaldreservate letztlich auch zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen *in situ* bei.

Eine solche Untersuchung war 1998 in Rheinland-Pfalz auf den Kernflächen eines Buchen-Fichten-Naturwaldreservats (Naturwaldreservat Himbeerberg im Hochwald, dem südlichen Ausläufer des Hunsrück-Gebirges) mit seinem bewirtschafteten Vergleichsbestand eingeleitet worden (MAURER *et al.* 2000). Ziel dieser Studie war die genetische Identifizierung der dort stockenden Altbäume sowie der aufgelaufenen Naturverjüngung, letztere in Form von Probekreisen. Damit soll zum einen ein Einblick in die Dynamik der Generationenfolge der Buche erhalten werden. Zum anderen soll in der Buchen-Fichten-Mischung der Naturverjüngung die gegenseitige Beeinflussung von zwei verschiedenen Baumarten hinsichtlich des Ausmaßes an Biodiversität auf genetischer und auf Artenebene beobachtet werden (vgl. hierzu HOSIUS *et al.* 2001).

Ähnliche Untersuchungen wurden mit Abschluss der vegetations- und wachstumskundlichen Erhebungen 2003 in den Kernflächen von zwei hessischen Buchen-Naturwaldreservaten und den dazugehörigen bewirtschafteten Vergleichsbeständen begonnen. Die genetischen Grundaufnahmen wurden dort an den Altbäumen des Naturwaldreservats „Niestehänge“ und der dazugehörigen Vergleichsfläche mittels Isoenzym-Genmarkern vorgenommen (vgl. hierzu auch GEBHARDT 2004).

Das Bundesland Brandenburg ergänzte solche einleitenden Untersuchungen durch zusätzliche Untersuchungen zum Paarungssystem (KÄTZEL, schriftliche Mitteilung). Bei zwei als Monitoringflächen ausgewählten Traubeneichenbeständen steht zwar auch die genetische Charakterisierung der Altbestände sowie der Naturverjüngung im Mittelpunkt, jedoch werden zudem routinemäßig Parameter zum Paarungssystem (Saatgutaufkommen und -qualität); zur Phänologie (Blüte), zur Vitalität (Kronenzustand im Sommer und Winter) sowie zum Wachstum (Wuchsleistung anhand der Höhe und des Brusthöhendurchmessers (BHD)) erfasst.

Bei diesen Beständen handelt es sich um bewirtschaftete Vergleichsflächen der Naturwaldforschung, die gleichzeitig anerkannte Saatgutbestände sind und sich in der Nähe zu Waldklimastationen des europäischen Level II-Programms befinden.

Darüber hinaus wurden im Land Brandenburg alle Bäume der sechs Kiefern-Level II-Dauerbeobachtungsflächen mit Isoenzym-Genmarkern untersucht.

3.2 Zukünftige abgestimmte genetische Monitorings auf nationaler und internationaler Ebene

Die Durchführung von genetischen Monitorings verpflichtet grundsätzlich keine der in der BLAG vertretenen Länderinstitutionen zur Teilnahme. Allerdings soll im Rahmen der genetischen Monitorkonzeption eine Bearbeitung der jeweiligen Baumarten nach Möglichkeit repräsentativ für das gesamte Land auf der Basis ausgewählter baumartenspezifischer Schwerpunktorkommen durchgeführt werden, so dass grundsätzlich eine abgestimmte Vorgehensweise anzustreben ist.

Eine diesbezügliche finanzielle Förderung, die die nunmehr anstehende Pilotphase betrifft, soll bei relevanten Bundesbehörden bzw. der Europäischen Kommission eingeworben werden, letztere insbesondere mit Blick auf Gemeinschaftsprojekte, welche die nationalen Grenzen überschreiten sollen. Projekte, die auf jeder der beiden Ebenen durchgeführt werden sollen, sind zum Zeitpunkt der Erstellung dieses Manuskripts in der Vorbereitungsphase.

4 BLAG-Expertengruppe „Genetisches Monitoring“

Die nachstehend genannten Personen sind bzw. waren Mitglieder der BLAG-Expertengruppe bzw. haben als externe Experten an der Erstellung des Konzeptes zum genetischen Monitoring mitgearbeitet (Stand November 2004):

- DR. WERNER **MAURER**, FAWF Rheinland-Pfalz, Trippstadt (Koordinator seit 2001)
- FOR ALBRECHT **FRANKE**, FVA Baden-Württemberg, Freiburg i. Br. (Koordinator 1997-2001)
- DR. AIKATERINI **DOUNAVI**, FVA Baden-Württemberg, Freiburg i. B. (ab 2002)
- DR. KARL **GEBHARDT**, Hessen-Forst, FIV Hann. Münden (ab 2002)
- DR. JOACHIM **HEYDER**, LÖBF Nordrhein-Westfalen, Forstgenbank Arnsberg
- DR. ALWIN **JANSSEN**, Hessen-Forst, FIV Hann. Münden (bis 2002)
- DR. HABIL. RALF **KÄTZEL**, Landesforstanstalt Eberswalde
- DR. MONIKA **KONNERT**, ASP Teisendorf
- PROF. DR. FLORIAN **SCHOLZ**, BFH Großhansdorf

sowie externe Experten für Fragen des Probenahmendesigns und der Statistik:

- PROF. DR. ERWIN **HUSSENDÖRFER**, FH Weihenstephan
- PROF. DR. MICHAEL **KÖHL**, TU Dresden.

5 Literatur

ANONYMUS (1997): Erhaltung der biologischen Vielfalt – Wissenschaftliche Analyse deutscher Beiträge. Bundesamt für Naturschutz (Hrsg.), S.17ff.

ANONYMUS (2003a): Gesetz zum Übereinkommen über die biologische Vielfalt. Bundesgesetzblatt BGBl II, S. 1741 und Übereinkommen über die biologische Vielfalt, BGBl II, S. 1742-1772.

ANONYMUS (2003b): Ethische Aspekte von Gentests am Arbeitsplatz. Stellungnahme der europäischen Gruppe für Ethik in den Naturwissenschaften und neuen Technologien bei der Europäischen Kommission vom 28. Juli 2003, 19 Seiten.

BALCAR, P. & W. D. MAURER (2004): Möglichkeiten der Generhaltung und genetisches Monitoring in Naturwaldreservaten. *In*: W. D. MAURER (Hrsg.): Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz Mitteilungen aus der Forschungs-

- anstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04: S.177-182.
- BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „ERHALTUNG FORSTLICHER GENRESSOURCEN“ (1989): Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Forst und Holz 44: S.379-404.
- BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „FORSTLICHE GENRESSOURCEN UND FORSTSAATGUTRECHT“ (2000): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Sächsische Landesanstalt für Forsten [LAF] Pirna-Graupa (Hrsg), ISBN 3-932967-25-9, 66 Seiten.
- EXPERTENGRUPPE „GENETISCHES MONITORING“ (2004): Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland. 13 Seiten (unveröffentlicht).
- GEBHARDT, K. (2004): Genetische Diversität der Buche (*Fagus sylvatica* L.) im hessischen Staatswald. In: Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz (W.D. MAURER, Hrsg.) Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04: S.189-196.
- HINRICHS, T. & E. MÜNCH (2004): Ressourcenvielfalt in der Forstwirtschaft – Wie und wozu nutzen wir den Wald und seine genetischen Ressourcen? In: Produktvielfalt durch Ressourcenvielfalt – Potenziale genetischer Ressourcen (F. BEGEMANN & S. SCHRÖDER, Hrsg.), Schriften zu genetischen Ressourcen, Band 23: S.83-95.
- HOSIUS, B., LEINEMANN L., BERGMANN F., MAURER W., TABEL U. & W. EDER (2001): Artendiversität und genetische Diversität: Besteht ein Zusammenhang? Allgemeine Forst- und Jagd-Zeitung, 172.Jg., Heft 5/6: S. 87-91.
- MAURER, W. D., TABEL U., HOSIUS B. & L. LEINEMANN (2000): Einleitung eines genetischen Langzeitmonitorings in Rheinland-Pfalz am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica* L.). In: Nachhaltige Nutzung forstgenetischer Ressourcen. (Sächsische Landesanstalt für Forsten [LAF] Pirna-Graupa, Hrsg.), ISBN 3-932967-93-3, S.132-144.
- NAMKOONG, G., BOYLE, T., GREGORIUS, H.-R., JOLY, H., SAVOLAINEN, O., WICKNESWARI, R. & A. YOUNG (1996): Testing criteria and indicators for assessing the sustainability of forest management: Genetic criteria and indicators. Center for International Forestry Research (CIFOR) Working Paper No. 10, Bogor, Indonesia, 12 pages.

Danksagung

Für die zur Verfügung gestellten Daten sowie die Durchsicht des Manuskripts bedankt sich der Autor bei den Herren DR. KARL GEBHARDT (Hessen-Forst, FIV Hann. Münden) und DR. HABIL. RALF KÄTZEL (Landesforstanstalt Eberswalde) auf das Herzlichste.

Entscheidungsstrategien zur Planung von Erhaltungsmaßnahmen bei Nutzierrassen

Strategy to plan conservation measures concerning animal breeds

HERWIG SCHERTLER¹

Zusammenfassung

Ausgehend vom Nationalen Fachprogramm tiergenetische Ressourcen ist für jede einzelne Rasse eine Entscheidungsstrategie für Erhaltungsmaßnahmen zu entwickeln. Dabei ist von der konkreten aktuellen Situation der Population auszugehen. Daraus ergibt sich die Einordnung in eine Gefährdungskategorie nach dem Nationalen Fachprogramm. Im Weiteren ist für die einzelne Population zu klären, ob ein detaillierter Anpaarungsplan vorgegeben werden kann und ob eine Zusammenfassung mit anderen Populationen möglich oder notwendig ist. Weiter ist zu erfassen, welche Kryokonserven für die betreffende Population bereits vorhanden sind. Es ist zu entscheiden in welchem Umfang eine Ergänzung oder Neuanlage angebracht ist. Hierbei sind sowohl organisatorische als auch finanzielle Voraussetzungen zu schaffen. Für den Fall des Auftretens einer Tierseuche ist im Voraus ein geeignetes Reaktionskonzept zu entwickeln. Um bedrohte Rassen auf Dauer in lebender Form zu erhalten, ist es unverzichtbar, geeignete Nutzungsmöglichkeiten zu finden und zu entwickeln. Die finanzielle Förderung kann sich dabei je nach Situation und Möglichkeit auf die Anlage von Kryokonserven, Tierprämien für Zuchttiere, die Entwicklung von Vermarktungskonzepten und Öffentlichkeitsarbeit erstrecken. Der Öffentlichkeitsarbeit insgesamt kommt eine große Bedeutung zu, um die notwendige Akzeptanz und Unterstützung in der Gesellschaft zu erreichen. Letztlich ist aber die aktive Kooperation von den Tierbesitzern eine wesentliche Voraussetzung für den Erfolg der Maßnahmen bei einer einzelnen Rasse. Zudem ist insbesondere wegen der nur begrenzt zur Verfügung stehenden Finanzmittel die Einordnung eines jeden einzelnen Konzeptes in einem gesamten Rahmen unverzichtbar.

Summary

Based on the national program on animal-genetic resources a decision strategy for conservation measures has to be developed for each animal breed. Starting with an assessment of the current situation of a population to determine the endangerment category according to the national program it is necessary to clarify for each

¹ Niedersächsisches Ministerium für den ländlichen Raum, Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz
Calenberger Straße 2
30169 Hannover

individual population, whether a detailed breeding plan can be worked out and whether the population can be merged with another. It is to determine, whether cryo-conserves of this population already exist and to which extent completions are necessary. Concerning cryo-conservation both financial and organisational foundations have to be laid. For the case of the occurrence of an animal epidemic a suitable reaction concept needs to be developed in advance. In order to keep threatened breeds in the long term in living form, it is indispensable to find suitable possibilities of utilisation. Financial support depends on situation and possibilities of the individual breeds and could be extended to cryo-conservation, fee for breeding animals, development of marketing concepts and public relations. Especially public relations have a great importance to get the necessary acceptance and support in society. In the long run however the active co-operation of the breeders of the animals is a substantial condition for the success of the measures. Furthermore each individual concept must be integrated into an entire framework, because of the limited available money.

Die Erhaltung tiergenetischer Ressourcen wird von Züchtern, Zuchtorganisationen, Interessenverbänden, der Wissenschaft und der Tierzuchtverwaltung schon seit vielen Jahren aktiv betrieben. Im Rahmen der Erfüllung eingegangener Verpflichtungen auf internationaler Ebene wurde vom Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft die Erstellung eines „Nationalen Fachprogramms“ in Auftrag gegeben. Die Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde hat unter Beteiligung von Vertretern aus Wissenschaft, Tierzuchtpraxis und Verwaltung ein „Nationales Fachprogramm tiergenetische Ressourcen“ erstellt. Dieses hat die Agrarministerkonferenz am 21. März 2003 zustimmend zur Kenntnis genommen. Das Nationale Fachprogramm erläutert eingangs die Bedeutung und auch die Gefährdung tiergenetischer Ressourcen. Im Weiteren werden die aktuelle Situation im Bereich der Nutztierarten und Rassen in Deutschland beschrieben sowie die gegenwärtigen Erhaltungsmaßnahmen dargestellt. Eingehend wird ein Vorschlag für ein Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen beschrieben. Dieser Vorschlag befasst sich mit den Tierarten Pferd, Rind, Schwein, Schaf, Ziege, Geflügel, Kaninchen und Wildtiere. In einem Monitoring wird die Situation in den einzelnen Populationen erfasst. Ausgehend von den in den Zuchtbüchern eingetragenen männlichen und weiblichen Tieren wird die effektive Populationsgröße (N_e) ermittelt. Die effektive Populationsgröße dient als Entscheidungsparameter und ist die Grundlage, um den Gefährdungsstatus der jeweiligen Rasse zu ermitteln.

Nach dem Nationalen Fachprogramm ergeben sich drei Gefährdungskategorien (Tabelle 1). Die Datenerfassung im Jahre 2002 führte bei den landwirtschaftlichen Nutztieren Pferd, Rind, Schaf, Ziege, Schwein dazu, dass insgesamt 52 Rassen oder Rassegruppen als gefährdet einzustufen sind. Näheres ergibt sich aus der Tabelle 2.

Tab. 1: Gefährdungskategorien
Tab. 1: Categories of endangering

N_e	Kategorie	Beschreibung
< 50	PERH Phänotypische Erhaltungspopulation	geringe Chancen als eigenständige Population dauerhaft bestehen zu bleiben Genbestand durch Kryokonservierung sichern, danach ggf. in verwandte Populationen integrieren Phänotyp kann kulturhistorische Bedeutung haben
< 200	ERH Erhaltungspopulation	stark existenzgefährdet Erhaltungsmaßnahmen zur Stabilisierung der N _e
< 1000	BEO Beobachtungspopulation	gefährdet Samenkryokonserve, wenn Anzahl männlicher Zuchttiere < 100

Tab. 2: Anzahl der in die Gefährdungskategorien ERH (davon PERH) und BEO eingestuften deutschen Nutztierassen bzw. Rassegruppen (in 2002)

Tab. 2: Numbers of breeds in categories of endangering (in 2002)

Tierart	ERH (darin als PERH)	BEO	Insgesamt
Pferd	8 (5)	6	14
Rind	13 (1)	1	14
Schaf	7 (2)	10	17
Ziege	0	2	3
Schwein	4 (2)	0	4
Insgesamt	32 (19)	19	52

Das Nationale Fachprogramm bildet insgesamt die notwendige und unverzichtbare Grundlage für die zukünftigen Arbeiten. Hier wird die Methodik zur Ermittlung des Gefährdungsstatus einer Rasse eingehend beschrieben. Es wird aufgezeigt, wie die Einteilung in Gefährdungsklassen erfolgt und welche grundsätzlichen Möglichkeiten sich zur Erhaltung tiergenetischer Ressourcen ergeben.

Das Nationale Fachprogramm kann die notwendige Anleitung geben, für jeden Einzelfall, d. h. für jede bedrohte Rasse, eine der jeweiligen besonderen Situation der Population angepasste Strategie zu entwickeln.

Ausgangspunkt ist die Erfassung der aktuellen Situation für die jeweiligen Populationen, denn die Angaben im zitierten Nationalen Fachprogramm stellen bereits heute eine historische Beschreibung dar. Das heißt, es ist die Anzahl der männlichen und weiblichen Zuchttiere aus dem jeweiligen Zuchtbuch bzw. den Zuchtbüchern regelmäßig zu erfassen. Ebenso die Anzahl der registrierten Herden. Des Weiteren muss ermittelt werden, wie die Dokumentation, d. h. die Zuchtbuchführung, erfolgt. Für die weitere praktische Arbeit ist es ebenso wichtig zu erfassen, wie viele Züchtervereinigungen befassen sich mit dieser Rasse und wie stellt sich die geografische Verteilung der Züchter dar. Ebenso ist festzustellen, welche Kryokonserven vorhanden sind. Für die weiteren Entscheidungen kann darüber hinaus von Bedeutung sein, inwieweit die zur Diskussion stehende Population mit einer oder mehreren anderen Populationen verwandt ist.

Entscheidungen aufgrund der aktuellen Informationslage

Aufgrund der aktuellen effektiven Populationsgröße erfolgt eine Einordnung in die Kategorie phänotypische Erhaltungspopulation (PERH), Erhaltungspopulation (ERH) oder Beobachtungspopulation (BEO). Es gibt bedrohte Rassen, die nur ein äußerst begrenztes geografisches Verbreitungsgebiet haben. Es gibt aber auch Rassen/Populationen, deren züchterische Betreuung sich über mehrere Regionen erstreckt. Gerade bei kleinen und kleinsten Populationen ist anzustreben, dass ggf. auch länderübergreifend das Zuchtbuch bei einer Organisation geführt wird. Nur so kann gewährleistet werden, dass im Weiteren nach gleichen Grundsätzen verfahren und ein einheitliches Zuchtprogramm organisiert wird. Das Tierzuchtrecht und die grundgesetzliche Länderzuständigkeit sind hier kein generelles Hindernis. Es gibt dafür positive Beispiele (Anglerrind, Rotes Höhenvieh, Buntes Bentheimer Schwein, Thüringer Wald Ziege).

Anpaarungsplan

Im Rahmen der konkreten Erhaltungsstrategie für eine Rasse ist auch zu klären und festzulegen, von wem die Anpaarungsentscheidungen getroffen werden. Das Ziel, Genverluste zu vermeiden, kann in letzter Konsequenz nur erreicht werden, wenn nach Analyse der Population ein Anpaarungsplan entwickelt und fortgeschrieben wird. Im Rahmen von öffentlichen Fördermaßnahmen wäre dann genau darauf zu achten, dass dieser Anpaarungsplan auch eingehalten wird. Man sollte sich dabei jedoch auch im Klaren darüber sein, dass damit gravierend in die Entscheidungsfreiheit der beteiligten Züchter eingegriffen wird und dies sich negativ auf die Motivation zur Teilnahme an dem Zuchtprogramm auswirken kann. Dieses Problem kann zumindest zum Teil dadurch entschärft werden, dass die konsequente Einhaltung eines Zuchtprogramms sich nicht auf alle eingetragenen Tiere erstreckt, sondern nur auf einen Teilbereich, um so zu gewährleisten, dass alle Familien/Linien weiterhin reproduziert werden. Für das Bunte Bentheimer Schwein wird zum Beispiel nach einem Zuchtprogramm verfahren, welches von Prof. Glodek wissenschaftlich betreut wird.

Zusammenfassen mehrerer Rassen zu einer Population

Nach den entsprechenden Populationsanalysen und genetische Distanzmessungen ist zu klären, ob hier Rassen zu einer Population zusammengefasst werden können.

Kryokonserven

Nach dem Vorschlag des Nationalen Fachprogramms sind für Beobachtungspopulationen Kryokonserven anzulegen. Es gibt bereits heute bei einigen Tierarten und Rassen Reserven in Form von tiefgefrorenen Samen oder Embryonen. Es ist daher für die Rassen, die als Beobachtungspopulation eingestuft werden, zu dokumentieren, welche Kryokonserven sowohl hinsichtlich Menge und Abstammung vorhanden sind und wo diese Konserven lagern. In diese Dokumentation ist aufzunehmen, wer unter welchen Umständen eine Verfügungsberechtigung über diese Reserve hat. Auf der Basis dieser Information ist die Entscheidung über eine Erweiterung im konkreten Fall herbeizuführen.

Neuanlage von Kryokonserven

Es ist zu klären, welche Technologien für die Materialgewinnung und die Konservierung vorhanden sind: Insbesondere für den Bereich des Geflügels ist die Tiefkühlagerung von Samen keine Selbstverständlichkeit. Auch die Samengewinnung kann bei den landwirtschaftlichen Nutztieren (z.B. bei Landschafen) zu Problemen führen. Andererseits wurde bei Schafen gerade im letzten Jahr eine Spermagewinnung aus den Nebenhoden erfolgreich praktiziert. Die Neuanlage einer Kryokonserven setzt eine erhebliche organisatorische Vorbereitung voraus: Beschaffung der Tiere, Abstimmung der Technologie, Lagerung und Verwaltung des Lagers sind vorab zu klären. Es sind Festlegungen über Zugriffsrechte auf diese Reserve und deren Nutzung zu treffen. Gleichzeitig ist dabei festzulegen, wie eine Erneuerung oder eine Ergänzung für entnommene Reserven erfolgen soll. Schließlich sind hier die Kosten für die Gewinnung der Reserve aber auch für deren Lagerung vorab zu kalkulieren und die Kostenträgerschaft zu klären.

Tierseuchen

Tierseuchen sind für Tierbestände generell eine große Gefahr und können für kleine Populationen die Totalvernichtung bedeuten. Für die einzelnen Populationen ist daher in Abhängigkeit ihres Gefährdungsstatus und ihrer räumlichen Verteilung zu klären, wie im Rahmen von Seuchenbekämpfungsmaßnahmen, die zum Beispiel die Tötung von sämtlichen Tierbeständen in bestimmten Regionen vorsehen, zu verfahren ist. Hier geht es insbesondere um Sonderregelungen im Zusammenhang mit Impfungen und Ausnahmen von Tötungsregelungen. Das Thema Tierseuchen ist vor allem auch deshalb von Bedeutung, weil gerade auch in diesen kleinen Populationen immer wieder ein Austausch von Zuchttieren zwischen den Betrieben notwendig ist. Hierin liegt aber gerade auch ein besonderes Risiko. Gleiches gilt für den Bereich Öffentlichkeit bzw. Publikumsverkehr. Wir wissen, dass heute wertvolle Tierbestände eigentlich nur durch konsequente Zutrittsverbote geschützt werden können. Andererseits brauchen gerade die vom Aussterben bedrohten Haustierrassen eine breite Unterstützung durch die Öffentlichkeit.

Nutzung bedrohter Rassen

Auf Dauer werden Tiere bedrohter Rassen nur dann gehalten werden können, wenn es gelingt, diese Tiere so einzusetzen, dass sie ihren Haltern auch einen wirtschaftlichen Ertrag bringen. Dies bedeutet z.B. den Einsatz in der Landschaftspflege oder die Erzeugung regionaler Erzeugnisse oder ökologischer Produkte. Vorsichtig sollte man hier mit dem Qualitätsbegriff sein und nicht davon ausgehen, dass die Produkte von bedrohten Rassen per se qualitativ besser sind. Des Weiteren ist in der praktischen Arbeit bei der Nutzung dieser Rassen zwischen Reinzuchtpopulationen einerseits und Produktionsebenen andererseits zu unterscheiden, in denen Tiermaterial aus der Reinzucht nur in begrenztem Maße eingesetzt wird, um Produkte auch vermarkten zu können.

Finanzielle Förderung

Pflichten bei Tierprämien sind:

- Eintragung der Tiere im Zuchtbuch und
- die Zuchtbenutzung;
- Einhaltung eines bestimmten Anpaarungsplanes.

Die Verpflichtung zur Teilnahme an einem Programm über einen längeren Zeitraum kann zwar fachlich durchaus berechtigt sein, es zeigt sich aber, dass dies in der Realität kontraproduktiv wirken kann. Da die Organisationen, die das Zuchtbuch führen und die Dokumentation erstellen, in der Regel bei den bedrohten Rassen kaum Einnahmen aus Zuchttierverkäufen haben, stellt sich hier sehr oft die Frage, wie deren Aufwendungen finanziell unterstützt werden können.

Da der Vermarktung der von den speziellen Rassen erzeugten Produkten eine besondere Bedeutung beizumessen ist, ist es erforderlich, hier die Erarbeitung und Entwicklung von Vermarktungskonzepten zu unterstützen. Die Öffentlichkeitsarbeit spielt eine wichtige Rolle bei der Unterstützung aller Erhaltungsmaßnahmen. Deshalb kann der Einsatz von öffentlichen Finanzmitteln auch hier durchaus sinnvoll sein. Letztlich muss aber der Finanzmitteleinsatz optimiert werden, insbesondere da nur sehr begrenzt öffentliche Mittel zur Verfügung stehen. Ein besonderes Problem ergibt sich bei länderübergreifenden Projekten. Aufgrund der grundgesetzlichen Regelung, dass Landwirtschaft und damit die Tierzucht eine Länderaufgabe ist, kann insbesondere bei länderübergreifenden Projekten ein besonderes Problem entstehen, wenn in dem einen Land eine Förderung erfolgt und im anderen Land nicht. Die Einrichtung eines länderübergreifenden Fonds könnte hier sicherlich Abhilfe schaffen, jedoch ist die Realisierung eher skeptisch zu beurteilen. Auch ein besonderes Problem stellt die Förderung mit EU-Mitteln dar, da neben der 5-jährigen Teilnahmeverpflichtung, die viele Züchter abschreckt, ein unverhältnismäßig hoher Verwaltungsaufwand entsteht.

Öffentlichkeitsarbeit

Eine Unterstützung durch die öffentliche Hand wird auf Dauer nur möglich sein, wenn in breiten Gesellschaftskreisen dafür auch die entsprechende Einsicht vorhanden ist. Die Gründe für die Erhaltung vom Aussterben bedrohter Rassen sind eindeutig:

biologische Notwendigkeit, ethische Verantwortung, aber auch eine Daseinsvorsorge. Hinzu kommt, dass es sich bei den alten Rassen auch um ein Kulturgut handelt. Öffentlichkeitsarbeit ist sowohl von den Züchtern und Organisationen, als auch aus der Wissenschaft, der Fachverwaltung, der Politik, den Tierparks und Zoos und den Archehöfen der GEH zu leisten.

Der Faktor Mensch

Auch wenn Tiere das Ziel aller Erhaltungskonzepte sind, so ist für das Gelingen der Faktor Mensch entscheidend. Die Bürger müssen bereit sein, die finanziellen Aufwendungen des Staates in diesem Bereich zu akzeptieren. Menschen als Verantwortliche in den Verbänden und Behörden müssen mit ihrer fachlichen Kompetenz eine aktive Unterstützung der Maßnahmen gewährleisten. Wir brauchen Wissenschaftler für die fachliche Hilfestellung, z. B. die Erstellung von Anpaarungsprogrammen, Entwicklung von Methoden zur Samengewinnung und Lagerung. Es werden Menschen als Politiker gebraucht, die bereit sind, Finanzmittel zur Umsetzung der Strategien zur Verfügung zu stellen. Die entscheidende Gruppe in diesem Gesamtkonzept sind jedoch die Tierhalter. Die Züchter bringen auch bei finanzieller Unterstützung persönliche wirtschaftliche Opfer und sie müssen zur Umsetzung der Zuchtprogramme eine Einschränkung ihrer züchterischen Freiheit akzeptieren. Gerade die Züchter der vom Aussterben bedrohter Rassen sind häufig ausgeprägte Individualisten. Andererseits müssen sie mit anderen Züchtern und ihrer Zuchtorganisation kooperieren. Allein hier liegt ein ganz besonderes Spannungsfeld.

Einordnung in ein Gesamtkonzept

Es kann bei über 50 vom Aussterben bedrohten Populationen in Deutschland nicht zur gleichen Zeit alles mit gleicher Intensität betrieben werden. Daher muss der Einzelfall in ein Gesamtkonzept eingeordnet werden. Dazu ist bei der einzelnen Rasse die fachliche Priorität, d. h. der Gefährdungsgrad, zu berücksichtigen. Es zeigt sich aber auch, dass nicht in allen Bereichen alle Möglichkeiten derzeit schon technisch einsetzbar sind. Von daher ergibt sich schon eine Einschränkung der Machbarkeit. Und letztendlich muss eine Finanzierung möglich sein. Hier wird es selbstverständlich eine Diskrepanz zwischen Bedarf einerseits und zur Verfügung stehenden Mitteln andererseits geben.

Erhaltungsmaßnahmen von Nutztierassen in Notfallsituationen am Beispiel der Scrapieresistenz beim Schaf

Preservation programmes for rare domestic breeds in emergencies, resistance to scrapie in sheep as example

THOMAS A. SCHMIDT¹

Zusammenfassung

Unter einem Notfall im Zusammenhang mit der Erhaltung von Nutztierassen sind prinzipiell zwei Szenarien zu verstehen, die subakute Bedrohung am Ende einer lang andauernden schleichenden Abnahme, oder die akute Bedrohung durch Seuchen, Zuchtverbote, oder ähnliches. Als Beispiel einer Epidemie jüngerer Vergangenheit mit enormen Bedrohungspotenzial für viele gefährdete Nutztierassen sei der Ausbruch der Maul- und Klauenseuche im Jahre 2001 in Großbritannien genannt, der zu Millionen getöteter Nutztiere geführt hat. Starke regionale Konzentration von Tieren einer Rasse erhöht dabei das Gefährdungspotenzial eines Seuchenzuges. In Deutschland sind solche Zuchtschwerpunkte insbesondere auch bei gefährdeten Schafrassen zu finden.

Die bestehenden EU-Maßnahmen zur Bekämpfung der TSE-Erkrankung Scrapie führen zu einem Zuchtverbot für bestimmte, TSE-empfindliche Genotypen. Dies kann, als Nebeneffekt der erwünschten Resistenzzucht, für Schafrassen mit ungünstiger Genotypenverteilung eine genetische Notfallsituation, einen sogenannten genetischen Flaschenhals herbeiführen. Als vorbeugende Maßnahme wurde daher in Deutschland in einer konzertierten Aktion eine Kryoreserve besonders betroffener Rassen angelegt, mit insgesamt mehr als 30.000 Spermaportionen. Für die hochgradig gefährdete Rasse des Bentheimer Landschaftes werden weitergehende spezielle Zuchtmaßnahmen gefordert.

Am Beispiel der Verteilung gefährdeter Schafrassen über die 85 Arche-Höfe der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. (GEH) wird gezeigt, dass diese Höfe auch gezielt für eine überregionale Verteilung von Zuchtgruppen und planvolle Erhaltungszuchtarbeit genutzt werden können.

Summary

A case of emergency in the context of endangered breeds on farms can mainly be caused by two situations: creeping threat by slow decrease over a long time or the

¹ Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft
Institut für Tierzucht Mariensee
Höltystr. 10
31535 Neustadt

urgent threat by epidemics, breeding restrictions, e.g. An example of a dramatic epidemic for many rare breeds in the last years is the outbreak of the foot and mouth disease in the UK in 2001, which resulted in millions of killed animals. Strong regional concentrations of rare breeds increases thereby their risk to extinction.

In Germany such regional centres of rare breeds can be found in sheep populations. The current EU regulations to combat the TSE disease scrapie induce breeding restrictions for specific TSE sensible genotypes. As a side effect this can result a so called genetic bottle neck, specially in those ovine breeds with unfavourable distribution of their genotypes. Therefore, as a joint preventive action for specific concerned sheep populations in Germany, a cryoreserve was established with more than 30,000 straws of semen. For the highly endangered breed of the Bentheim landrace ('Bentheimer Landschaft') comprehensive breeding strategies are demanded.

The distribution of endangered ovine breeds to the 85 ark-farms ('Arche-Höfe') of the GEH (German association for rare breeds) demonstrates as an example, that these farms are used for methodical distribution of breeding groups to different regions and can support preservation breeding programmes.

Einleitung

Notfallsituation, was ist darunter zu verstehen? Insbesondere im Zusammenhang mit der Erhaltung von Nutztierassen? Ziel aller Maßnahmen für in Ihrem Bestand gefährdete Populationen alter Haustierrassen ist immer, den Bestand in einer solchen Größenordnung langfristig, d.h. zumindest über viele Jahrzehnte zu bewahren, dass ein möglichst großer Anteil der ursprünglichen Gene möglichst in unveränderter Frequenz erhalten bleibt. Alles, was dies ernsthaft gefährdet, stellt eine genetische Notfallsituation dar. Dies ist insbesondere durch zwei Varianten der Gefährdung verursacht:

1. Lang andauernde, schleichende Abnahme der Anzahl Zuchttiere, bedingt durch sich verändernde Marktgegebenheiten, Rassenkonkurrenz, Mode, usw.
2. Akute Bedrohung, d.h. spontane Bestandsabnahme, durch Seuchen, aber auch durch Zuchtbeschränkungen, Zuchtverbote, oder auch spontane Marktveränderungen wie nach der Wende 1989/1990 in vielen ehemaligen COMECON-Staaten Mittel- und Osteuropas.

Am Beispiel der Maul- und Klauen-Seuche (MKS) sowie der Zucht auf Scrapieresistenz beim Schaf können derartige Notfallsituationen und mögliche Vermeidungsstrategien dargestellt werden.

MKS in Großbritannien

Im Jahre 2001 erlebte Mitteleuropa ein Seuchendesaster, vor dem Experten lange gewarnt hatten - den verheerenden Ausbruch der Maul- und Klauen-Seuche (MKS) in Großbritannien. Bis zu 50 Neuausbrüche wurden täglich zwischen März und Oktober 2001 gezählt, annähernd 10 Millionen Rinder, Schweine und Schafe mussten entsprechend der EU-Bekämpfungsstrategien getötet werden, auch viele Tiere bedrohter Rassen. Einzelne Ausbrüche traten in Folge auch in Irland, Frankreich und den Niederlanden, neben davon unabhängigen Ausbrüchen in Argentinien, Taiwan, der Mongolei und Türkei, auf. In 2000 waren 20 Länder von der MKS weltweit betroffen. Abb. 1 zeigt die aktuell weiterhin geringe Anzahl Länder, die ohne Impfungen frei von MKS sind. Dies belegt zum einen die globale Bedrohung durch diese Seuche, aber auch die Notwendigkeit, genetische Ressourcen vor dieser Gefahr zu schützen, die ohnehin nur ein Beispiel unter vielen darstellt.

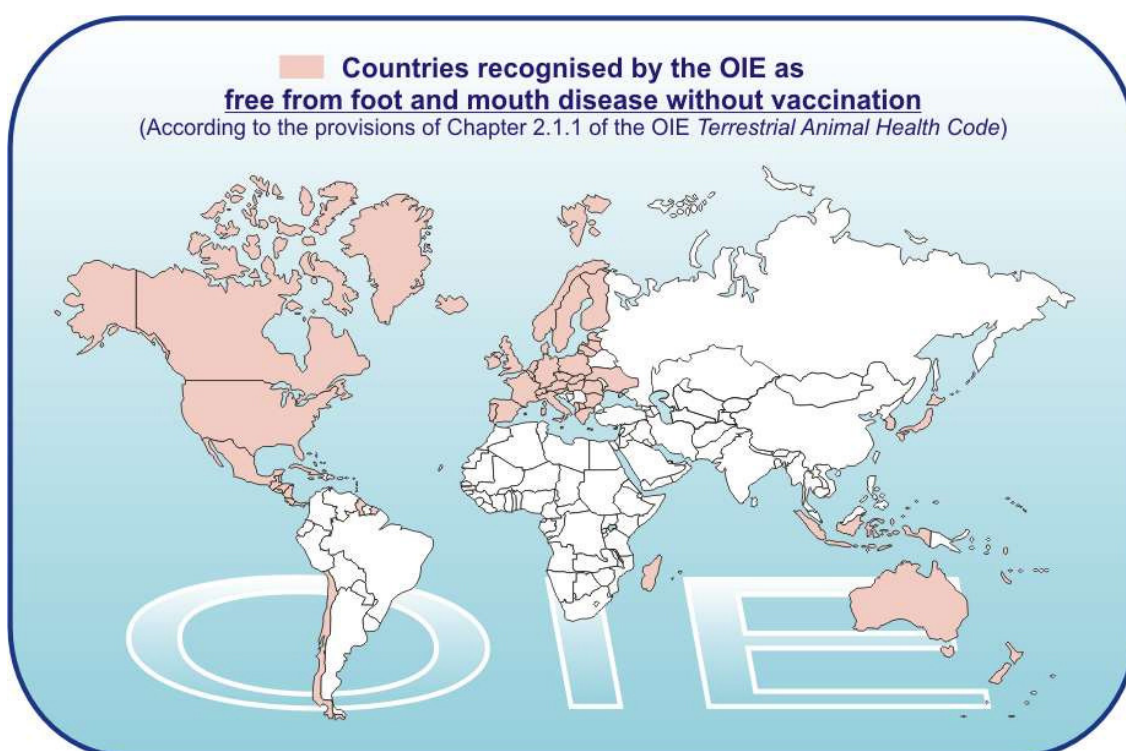


Abb. 1: Länder frei von Maul- und Klauen-Seuche ohne Impfung (OIE 2005)

Fig. 1: Countries free of food and mouth disease without vaccination (OIE 2005)

Regionale Verteilung von Schafrassen in Deutschland

Eine Voraussetzung für die Begegnung der Gefahr des Totalverlustes durch Seuchen bzw. in Folge der Epidemien durch diverse Keulungsmaßnahmen ist die überregionale Verteilung ursprünglich lokal verbreiteter Rassen. Am Beispiel gefährdeter deutscher Schafrassen lässt sich zeigen, dass dieser Forderung längst nicht bei allen Populationen bereits Rechnung getragen ist. Einigermaßen günstig ist die Situation bei den Rassen Coburger Fuchsschaf und Graue Gehörnte

Heidschnucke (Abb. 2a,b).

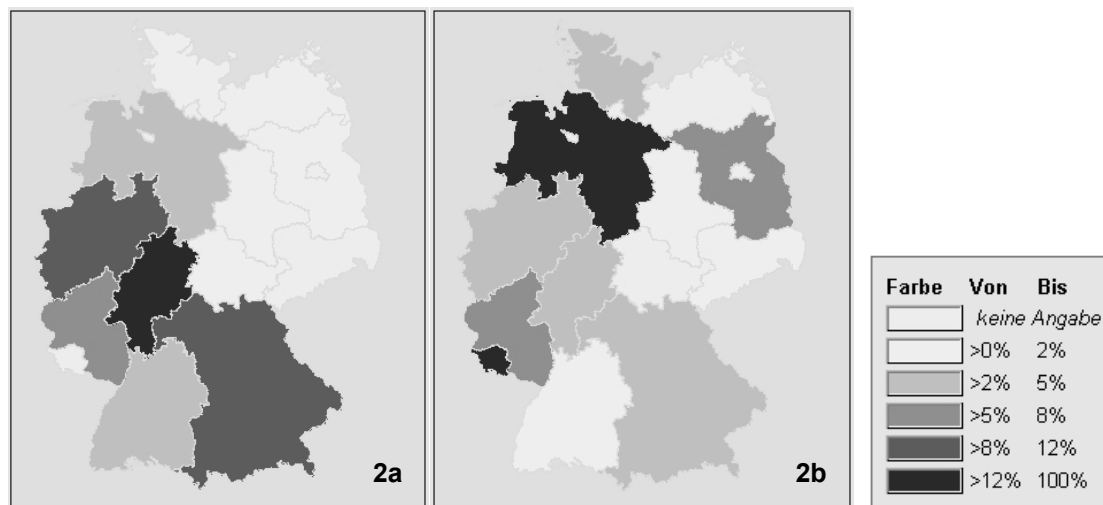


Abb. 2a,b: Verteilung der weiblichen Herdbuchschafe der Rassen Coburger Fuchsschaf (links) und Graue Gehörnte Heidschnucke (rechts) (ZADI 2004)

Fig. 2a,b: Distribution of the registered female sheep of the breeds Coburger Fuchsschaf (left) and Graue Gehörnte Heidschnucke (right) (ZADI 2004)

Hier konnte die ursprüngliche regionale Konzentration, vor allem bei der Heidschnucke früher sehr ausgeprägt, bereits erfolgreich im Sinne der Seuchenprophylaxe durchbrochen werden. Ungünstig, d.h. noch immer stark regional konzentriert, stellt sich dagegen die Situation beim Waldschaf und dem Leineschaf ursprünglicher Zuchtrichtung dar (Abb. 3ab).

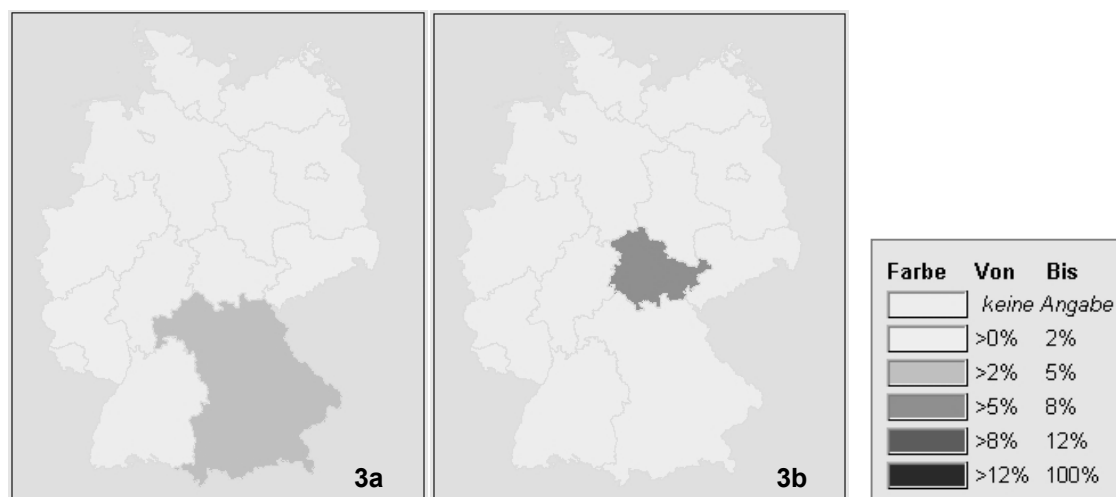


Abb. 3a,b: Verteilung der weiblichen Herdbuchschafe der Rassen Waldschaf (links) und Leineschaf ursprünglicher Zuchtrichtung (rechts) (ZADI 2004)

Fig. 3a,b: Distribution of the registered female sheep of the breeds Waldschaf (left) and Leineschaf old breeding type (right) (ZADI 2004)

Scrapie-Resistenzucht und Bentheimer Landschaf

Eine administrative Variante der genetischen Bedrohung und damit der Bestandsgefährdung von gefährdeten Population stellt – quasi als ungewollte Nebenwirkung – die Resistenzucht gegen Transmissible Spongiforme Enzephalopathien in der EU dar (2003/100/EG). Zur Vermeidung einer möglichen verdeckten Ausbreitung der Bovinen Spongiformen Enzephalopathie (BSE) in Schafbeständen, wegen der schwierigen diagnostischen Differenzierbarkeit zwischen der allgemein als harmlos für den Menschen geltenden altbekannten Scrapie-Erkrankung der Schafe (Traberkrankheit) und BSE, soll mittels Zucht auf weitgehend resistente Genotypen beiden Ausbreitung unmöglich gemacht werden. Zu diesem Zweck sollen langfristig möglichst alle Rassen reinerbig für die Allelvariante ARR werden, VRQ dagegen soll als die empfänglichste der fünf bekannten Typen schnell und konsequent eliminiert werden.

Tab. 1: Allel- und Genotypen-Frequenzen einiger deutscher Schafrassen in %
(Ergebnisse der repräsentativen Untersuchungen zur Entscheidung 2002/1003/EG)

Tab. 1: Allele and genotype frequencies in some German ovine breeds in % (Results of the representative analysis concerning the decision 2002/1003/EC)

Rasse	ARR	VRQ	G1	G2
Bentheimer Landschaf	6,2	17,8	0,0	11,0
Ostfriesisches Milchschaaf weiß	10,8	0,6	1,2	19,3
Graue Gehörnte Heidschnucke	15,2	0,0	3,8	22,8
Waldschaf	29,0	3,0	10,0	36,0
Rhönschaf	67,6	2,0	49,0	35,3

G1: Genotyp ARR/ARR
Genotype ARR/ARR

G2: Genotyp ARR/- (ARR mit Nicht-ARR, aber nicht VRQ)
Genotype ARR/- (ARR with Not-ARR, but no VRQ)

Als Resultat der EU-Entscheidungen hat in allen deutschen Schafrassen ein regelrechtes Wettrennen auf das erwünschte Allel ARR eingesetzt, zumeist ohne Planung und Langfriststrategie. Dies führt insbesondere bei Rassen mit extrem ungünstiger Ausgangssituation, wie beim Bentheimer Landschaf, zu einem erheblichen Verlust an genetischer Breite, zu einem genetischem Flaschenhals mit entsprechend hoher Inzucht auf die wenigen ARR-Tiere.

Als Konsequenz daraus wurde in einer konzertierten Aktion der deutschen Schafzucht einschließlich der GEH mit dem Institut für Tierzucht der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) in Mariensee, unterstützt vom Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft, die Anlage einer Kryoreserve an Sperma von nahezu 100 Böcken aus 16 besonders betroffenen Rassen ins Leben gerufen. Insgesamt mehr als 30.000 Pailletten konnten *post mortem* aus den Nebenhoden gewonnen werden. Auch sieben Böcke

des Bentheimer Schafes wurden so erfolgreich eingelagert, einer übrigens mit dem interessanten Genotyp ARR/VRQ (SCHMIDT *et al.* 2004).



Abb. 4: Böcke aus der Kryoreserve: Bentheimer Landschaf (links) und Graue Gehörnte Heidschnucke (rechts)

Fig. 4: Rams out of the cryopreservation: Bentheimer Landschaf (left) and Graue Gehörnte Heidschnucke (right)

Abgesehen von den ungünstigen Allelfrequenzen weist das Bentheimer Landschaf nur 80 Herden mit etwas mehr als 100 Böcken und kaum mehr als 2000 Mutterschafen auf (WAGNER 2004). Auch seine regionale Verteilung könnte sich günstiger darstellen, da weiterhin der Schwerpunkt in Niedersachsen zu finden ist. Wegen dieser insgesamt extrem ungünstigen Ausgangslage wurde das Bentheimer Landschaf von der GEH zur Rasse des Jahres 2005 gekürt. BRANDT *et al.* (2004) fordern für das Bentheimer, dass durch die vorübergehende gezielte Anpaarung aller Böcke, auch der ohne ARR-Allel, alle Bocklinien erhalten werden.

Gerade bei der regionalen Verteilung gefährdeter Rassen und auch der Umsetzung gezielter Anpaarungsprogramme können die 85 Arche-Höfe der GEH eine zunehmend wichtige Rolle übernehmen. Durch ihre bundesweite Streuung und ihre enge Anbindung an die GEH wird sowohl die überregionale Verteilung gefördert, als auch eine konsequente Verfolgung von Paarungsplänen erleichtert, da sie sich als Arche-Hof bereits dem Rassenerhalt verpflichtet haben. Beides kann jedoch nur unter Beachtung der rassespezifischen Anforderungen und der individuellen Möglichkeiten der Arche-Höfe umgesetzt werden.

Darüber hinaus sollten künftig verstärkt Ansätze zur Bewahrung wertvoller Tierbestände im Seuchenfalle getroffen werden, wobei Impfungen eher umsetzbar erscheinen als konsequente Quarantäneprogramme, wie auch die Erfahrungen aus England zeigen. Kryoreserve kann dabei eine zusätzliche Absicherung bieten, jedoch kaum je eine Alternative sein.

Literatur

BRANDT, H., SCHMIDT, T. & H. WAGNER (2004) Erfolgreiche Zuchtstrategie gegen TSE-Empfänglichkeit. Deutsche Schafzucht 2004 (12), 4-7.

SCHMIDT, T. (2001) MKS: Von Großbritannien lernen? Arche Nova 2001 (4), 8-9.

SCHMIDT, T.A., BAULAIN, U., EHLING, C., GROENEVELD, E., HENNING, M., RATH, D., SCHWARZ, S. & S. WEIGEND (2004) Establishing a national cryo bank for ovine breeds with semen collected post mortem. Book of abstracts, Annual meeting of the European Ass. for Animal Prod., 10: 36.

WAGNER, H. (2004): Persönliche Mitteilung.

Links

[1] <http://www.genres.de/tgrdeu>

[2] <http://www.oie.int>

Liste der Teilnehmer/innen

List of participants

Dr. G. Anacker

Thüringer Landesanstalt für
Landwirtschaft
Referatsleiter Tierhaltung
Am Rennsteig 3
99819 Oberellen
Tel.: 03691 - 7900
Fax: 03694 - 203094
Email: g.anacker@clausberg.tll.de

Dr. Harald Bajorat

Bundesministerium für Verbraucherschutz,
Ernährung und Landwirtschaft
Referat 225
Rochusstr. 1
53123 Bonn
Tel.: 01888 - 5294378
Fax: 01888 - 5293425
Email: harald.bajorat@bmvel.bund.de

Dr. Ulrich Baulain

Bundesforschungsanstalt für
Landwirtschaft
Institut für Tierzucht Mariensee
Hoeltystraße 10
31535 Neustadt
Tel.: 05034 -871217
Fax: 05034 - 871143
Email: ulrich.baulain@fal.de

Dr. Frank Begemann

Zentralstelle für Agrardokumentation und
-information (ZADI)
Informationszentrum Biologische Vielfalt
Villichgasse 17
53177 Bonn
Tel.: 0228-9548 200
Fax: 0228-9548 220
Email: begemann@zadi.de

Dr. Susette Biber-Klemm

Universitäten Berlin und Bern
Maiengasse 51
CH-4056 Basel
Tel.: +41 (0) 61 - 2672871
Fax: +41 (0) 61 - 2671258
Email: susette.biber-
klemm@unibas.ch

Dr. Norbert Borchers

Landwirtschaftskammer Schleswig-
Holstein
Holstenstraße 106/108
24103 Kiel
Tel.: 0431 - 97970
Fax: 0431 - 9797140
Email: nborchers@lksh.de

Dr. Andreas Börner

IPK Gatersleben
Ressourcen, Genetik und
Reproduktion
Correnstraße 3
06466 Gatersleben
Tel.: 039482 - 5229
Fax: 039482 - 5155
Email: boerner@ipk-gatersleben.de

Jörg Bremond

Zentralstelle für Agrardokumentation
und -information (ZADI)
Informationszentrum Biologische
Vielfalt
Villichgasse 17
53177 Bonn
Tel.: 0228-9548 213
Fax: 0228-9548 220
Email: bremond@zadi.de

Dr. Bernd Degen

Bundesforschungsanstalt für Forst- und
Holzwirtschaft
Institut für Forstgenetik und
Forstpflanzenzüchtung
Sieker Landstraße 2
22927 Großhansdorf
Tel.: 04102 - 696101
Fax: 04102 - 696200
Email: b.degen@holz-uni.hamburg.de

Dr. Klaus Dehmer

IPK Groß Lüsewitz
Genbank-Außenstelle NORD
Correnstraße 3
06466 Gatersleben
Tel.: 039482 - 5310
Fax: 039482 - 5595
Email: dehmer@ipk-gatersleben.de

Prof. Dr. Ottmar Distl

Tierärztliche Hochschule Hannover
Institut für Tierzucht und
Vererbungsforschung
Bünteweg 17p
30559 Hannover
Tel.: 0511 - 9538875
Fax: 0511 - 9538582
Email: ottmar.distl@tiho-hannover.de

Dr. Jan Engels

IPGRI
Headquater
Via die Tre Denari 472 / a
I-00057 Maccarese
Tel.: +39 (0) 6 - 6118222
Fax: +39 (0) 6 - 61979661
Email: j.engels@cgiar.org

Dr. Lothar Frese

Bundesanstalt f.
Züchtungsforschung an Kulturpflanzen
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Tel.: 0531 - 5962451
Fax: 0531 - 5962457
Email: frese@kepppler.fal.de

Prof. Dr. Bärbel Gerowitt

Universität Rostock
Institut für Landnutzung
Satower Str. 48
18051 Rostock
Tel.: 0381 - 4982200
Fax: 0381 - 4982199
Email: baerbel.gerowitt@
auf.uni-rostock.de

Marie-Luise Graichen

IPK Gatersleben
Genbank
Correnstraße 3
06466 Gatersleben
Tel.: 039482 - 5162
Fax: 039482 - 5155
Email: graichen@ipk-gatersleben.de

Prof. Dr. Hans-Rolf Gregorius

Universität Göttingen
Institut für Forstgenetik und
Forstpflanzenzüchtung
Büsgenweg 2
37073 Göttingen
Tel.: 0551 - 383537
Fax: 0551 - 398367
Email: hgregor@gedg.de

Matthias Gutfleisch

Verband Lüneburger
Heidschnuckenzüchter
Wilhelm-Seedorf-Str. 3
29525 Uelzen
Tel.: 0581 - 807321
Fax: 0581 - 807360
Email: gutfleisch.mattias@
lawikhan.de

Dr. Barbara Harlizius

Privatdozentin
Oberheiden 5 e
53804 Much
Tel.: 02245 - 891098
Email: harlizius@onlinehome.de

Siegfried Harrer

Zentralstelle für Agrardokumentation und
-information (ZADI)
Informationszentrum Biologische Vielfalt
Villichgasse 17
53177 Bonn
Tel.: 0228-9548 211
Fax: 0228-9548 220
Email: harrer@zadi.de

Thomas Hawel

Rosarium Sangerhausen
Steinbergerweg 3
06526 Sangerhausen
Tel.: 034 - 64572522
Fax: 034 - 64578739
Email: rosarium-sangerhausen@
t-online.de

Dr. Martina Henning

Bundesforschungsanstalt für
Landwirtschaft
Institut für Tierzucht Mariensee
Hoeltystraße 10
31535 Neustadt
Tel.: 05034 -871217
Fax: 05034 - 871143
Email: martina.hennig@fal.de

Stefan Kaiser

Falkenbergstr. 148
21449 Hamburg
Tel.: 0179 - 2824625
Email: carpum@web.de

Dr. Ingrid Kissling-Näf

Schweizerische Akademie für
Naturwissenschaften (SANW)
Bärenplatz 2
CH-3011 Bern
Tel.: +41 (0) 31 - 4030
Fax: +41 (0) 31 - 4029
Email: Kissling@sanw.unibe.ch

Dr. Klaus Kohlmann

Leibniz-Institut für Gewässerökologie &
Binnenfischerei
Abteilung Binnenfischerei
Müggelseedamm 310
12587 Berlin
Tel.: 030 - 64181634
Fax: 030 - 64181799
Email: kohlmann@igb-berlin.de

Niels Kohlschütter

Universität Bonn
Institut für Organischen Landbau
Katzenburgweg 3
53115 Bonn
Tel.: 0228 - 732039
Fax: 0228 - 735617
Email: n.kohlschuetter@uni-bonn.de

Dr. Armin König

Institut für Forstgenetik und
Forstpflanzenzüchtung
Sieker Landstraße 2
22927 Grosshansdorf
Email: koenig@holz.uni-hamburg.de

Dr. Viktor Korzun

Lochow-Petkus Planta GmbH
Postfach 1463
37555 Einbeck
Tel.: 05561 - 311344
Fax: 05561 - 311243
Email: korzun@lochow-petkus.de

Marlies Ludwig

Natur- und Archehof
Dorfstraße 35
18513 Wendisch-Wackendorf
Tel.: 0383 - 26455687

Dr. Werner Maurer

Forschungsanstalt für Waldökologie und
Forstwirtschaft RP
Genressourcen und
Forstpflanzenerzeugung
Schloss
67705 Trippstadt
Tel.: 06306 - 911134
Fax: 06306 - 91120
Email: werner.maurer@wald-rlp.de

Dr. Eberhard Münch

Zentralstelle für Agrardokumentation und
-information (ZADI)
Informationszentrum Biologische Vielfalt
Villichgasse 17
53177 Bonn
Tel.: 0228-9548 210
Fax: 0228-9548 220
Email: muench@zadi.de

Dr. Anja Oetmann-Mennen

Plaggenmatt 10
49536 Leinen
Tel.: 05484-962220
Fax: 05484-962221
Email: oetmann-mennen@t-online.de

Bettina Ott

Universität Kassel
Kirchstr. 1
37213 Witzenhausen
Tel.: 05542 - 503222
Fax: 05542 - 920931
Email: joachim.finkenzeller@gmx.de

Prof. Dr. Konrad Ott

Universität Greifswald
Botanisches Institut
Grimmer Straße 88
17487 Greifswald
Tel.: 03834 - 854121
Email: ott@uni-greifswald.de

Dr. Herwig Schertler

Niedersächsisches Ministerium für
Ernährung, Landwirtschaft und Forsten
Calenberger Str. 2
30136 Hannover
Tel.: 0511 - 1202031
Fax: 0511 - 1202377
Email: herwig.schertler@
ml.niedersachsen.de

Dr. Thomas Schmidt

Gesellschaft zur Erhaltung alter und
gefährdeter Haustiere
Eschbornrasen 11
37123 Witzenhausen
Tel.: 05034 - 871232
Fax: 05034 - 871239
Email: thomas.schmidt@fal.de

Heinz-Peter Schmitt

Landesanstalt für Ökologie,
Bodenordnung und Forsten
Forstgenbank
Obereimer 2 a
59821 Arnsberg
Tel.: 02931 - 52430
Fax: 02931 - 52420
Email: heinz-peter.schmitt@
loebf.nrw.de

Uta Schnock

Bundessortenamt
Osterfelddamm 80
30627 Hannover
Tel.: 0511 - 9566655
Email: uta.schnock@
bundessortenamt.de

Dr. Stefan Schröder

Zentralstelle für Agrardokumentation und -
information (ZADI)
Informationszentrum Biologische Vielfalt
Villichgasse 17
53177 Bonn
Tel.: 0228 - 9548215
Fax: 0228 - 9548220
Email: schroeder@zadi.de

Ulrich Schulze

Schorlemer Str. 26
48143 Münster
Tel.: 0251 - 5990
Fax: 0251 - 0251
Email: ulrich.schulze@lk-wl.nrw.de

Prof. Dr. Achim Spiller

Universität Göttingen
Institut für Agrarökonomie, Lehrstuhl für
Agrarmarketing
Platz der Göttinger Sieben 5
37073 Göttingen
Tel.: 0551 - 392399
Fax: 0551 - 3912122
Email: a.spiller@agr.uni-goettingen.de

Prof. Dr. Werner Steffens

Eitelsdorfer Str. 32
12555 Berlin
Tel: 030 - 6561390
Fax: 030 - 6561390

Dr. Christine Struck

Universität Rostock
Institut für Landnutzung
Satower Str. 48
18051 Rostock
Tel.: 0381 - 4982200
Fax: 0381 - 4982199
Email: christine.struck@uni-konstanz.de

Prof. Dr. Peter-Tobias Stoll

Universität Göttingen
Institut für Völkerrecht, Lehrstuhl
internationales Recht
Platz der Göttinger Sieben 5
37073 Göttingen
Tel: 0551 - 394661
Fax: 0551 - 394767
Email: pstoll@gwdg.de

Rudi Vögel

Landesumweltamt Brandenburg
Abteilung Großschutzgebiete
Tamper Chaussee 2 / Hs. 7
16225 Eberswalde
Tel.: 0334 - 662721
Fax: 0334 - 662650
Email: rudi.voegel@
lua.brandenburg.de

Kerstin Weber

Universität Kassel-Witzenhausen
Oberburgerstr. 1
37213 Witzenhausen
Email: wolf.sebi@web.de

Dr. Steffen Weigend

Bundesforschungsanstalt für
Landwirtschaft
Höltyst. 10
31535 Neustadt-Mariensee
Tel.: 05034 - 871180
Fax: 05034 - 871143
Email: steffen.weigend@fal.de

Evelin Willner

IPK
Genbank-Aussenstelle Nord
23999 Malchow/Poel
Tel.: 038425 - 20316
Fax: 038425 - 20316
Email: e.willner@so.hs-wismar.de

Dr. Sabine von Witzke-Ehbrecht

Institut für Pflanzenbau und
Pflanzenzüchtung
Von Siebold Str. 8
37075 Göttingen
Email: switzke@gwdg.de

Sebastian Wolf

Universität Kassel-Witzenhausen
Oberburgerstr. 1
37213 Witzenhausen
Email: wolf.sebi@web.de

Peter Zachäus

Bundesanstalt für Landwirtschaft und
Ernährung
Projekträger Agrarforschung
Deichmannaue 29
53179 Bonn
Tel.: 0228 - 6845460
Fax: 0228 - 68452960
Email: peter.zachaeus@ble.de

Dr. Matthias Zander

Humboldt-Universität Berlin
Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät -
Institut für Gartenbauwissenschaften
Lentzeallee 75
14195 Berlin
Tel.: 030 - 31471106
Fax: 030 - 31471426
Email: matthias.zander@agr.ar.hu-berlin.de

Schriften zu Genetischen Ressourcen

- Band 0 Begemann, F. und K. Hammer (Eds.) (1994)
Integration of Conservation Strategies of Plant Genetic Resources in Europe
Proceedings of an International Symposium on Plant Genetic Resources in Europe held in Gatersleben, Germany December 6-8, 1993. (vergriffen, im Internet)
- Band 1 **Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen in der Land- und Forstwirtschaft**
Tagungsband eines Symposiums vom 09. - 11. November 1994 in Witzenhausen
Hrsg.: J. Kleinschmit, F. Begemann und K. Hammer, 1995, 7,66 €
- Band 2 ***In-situ*-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland am natürlichen Standort und *on farm***
Tagungsband eines Symposiums vom 11. – 13. Oktober 1995 in Bogensee
Hrsg.: F. Begemann und R. Vögel, 1996, 7,66 €
- Band 3 **Zugang zu Pflanzengenetischen Ressourcen für die Ernährung und Landwirtschaft – der Diskussionsprozeß in Deutschland**
Hrsg.: F. Begemann, 1996, 7,66 €
- Band 4 **Evolution und Taxonomie von pflanzengenetischen Ressourcen – Festschrift für Peter Hanelt**
Hrsg.: R. Fritsch und K. Hammer, 1996, 7,66 €
- Band 5 **Vergleichende Aspekte der Nutzung und Erhaltung pflanzen- und tiergenetischer Ressourcen**
Tagungsband eines Symposiums vom 07. - 09. November 1996 in Mariensee
Hrsg.: F. Begemann, C. Ehling und R. Falge, 1996, 7,66 €
- Band 6 **Charakterisierung und Evaluierung von Koriander (*Coriandrum sativum* L.) und taxonomische Implikationen**
Axel Diederichsen, 1997, Dissertation, 7,66 €
- Band 7 **Bestimmung der optimalen Keimtemperatur für die routinemäßige Keimfähigkeitsbestimmung zahlreicher Arten aus dem Genus *Allium* L.**
Carl-Eckhard Specht, 1997, Dissertation, 7,66 €
- Sonderband **4. Internationale Technische Konferenz der FAO über Pflanzengenetische Ressourcen**
Konferenzbericht, Leipziger Deklaration, Globaler Aktionsplan und Weltzustandsbericht, kostenlos
- Band 8 **Züchterische Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen – Ergebnisse und Forschungsbedarf**
Tagungsband eines Symposiums vom 29.09. - 01.10.1997 in Gatersleben
Hrsg.: F. Begemann, 1998, 7,66 €
- Band 9 **Abstammung der Europäischen Hausschafe und Phylogenie der eurasischen Wildschafe**
Arne Ludwig, 1998, Dissertation, 10,22 €
- Band 10 **Agrarbiodiversität und pflanzengenetische Ressourcen - Herausforderung und Lösungsansatz**
Karl Hammer, 1998, 7,15 €

- Band 11 **Populationsgenetische Untersuchung von Blei *Abramis brama*, Güster *Abramis bjoerkna*, Plötze *Rutilus rutilus* und Rotfeder *Scardinius erythrophthalmus* aus Gewässern des nordostdeutschen Tieflandes**
Christian Wolter, 1999, Dissertation, 7,66 €
- Band 12 **Dokumentation und Informationssysteme im Bereich pflanzengenetischer Ressourcen in Deutschland**
Hrsg.: F. Begemann, S. Harrer, J.D. Jiménez Krause, 1999, 8,69 €
- Band 13 **Erhaltung und Nutzung regionaler landwirtschaftlicher Vielfalt – von der Verpflichtung zur Umsetzung**
Hrsg.: A. Oetmann-Mennen und F. Stodiek, 2000, 5,11 €
- Band 14 **Regeneration adulter *Malus*-Unterlagen**
B. Feuerhahn, 2000, Dissertation, 10,22 €
- Band 15 **Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen der Zierpflanzen**
Tagungsband eines Symposiums vom 27. - 28. September 2000
Hrsg.: F. Begemann und P. Menzel, 2001. (vergriffen, im Internet)
- Band 16 **Nutzung genetischer Ressourcen – ökologischer Wert der Biodiversität**
Hrsg.: K. Hammer und Th. Gladis, 2001, 8,18 €
- Band 17 **Vielfalt auf den Markt**
Tagungsband eines Symposiums vom 5. - 6. November 2001
Hrsg.: F. Begemann und Landesschafzuchtverband Niedersachsen e.V., 9,- €
- Band 18 **Wildpflanzen als Genetische Ressourcen**
Julia Forwick-Kreuzer, 2003, Dissertation, 24,- €
- Band 19 **Biodiversität der Gattung *Ocimum* L., insbesondere der Kultursippen**
Sabine Eckelmann, 2003, Dissertation, 10,- €
- Band 20 **Biologische Vielfalt für Ernährung, Land- und Forstwirtschaft**
Tagungsband eines Symposiums am 19. September 2002
Hrsg.: F. Begemann, 9,- €
- Band 21 **Standortspezifische Sortenentwicklung
Eine Studie mit Landsorten der Linse**
Bernd Horneburg, 2003, Dissertation, 9,-€
- Band 22 **Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources**
Tagungsband eines Symposiums vom 8. - 9. Oktober 2001
Hrsg.: H. Knüpffer und J. Ochsmann, 2003, 12,- €
- Band 23 **Produktvielfalt durch Ressourcenvielfalt – Potenziale genetischer Ressourcen**
Tagungsband eines Symposiums vom 24. - 25. September 2003
Hrsg.: F. Begemann und S. Schröder, 2004, 9,- €

Weitere Publikationen, die beim IBV angefordert werden können:

- BMVEL (Hrsg.) (1996)
Nutzpflanzen – Vielfalt für die Zukunft
Deutscher Bericht zur Vorbereitung der 4. Internationalen Technischen Konferenz der FAO über pflanzengenetische Ressourcen vom 17. - 23. Juni 1996 in Leipzig. (erhältlich beim IBV, kostenlos)
- BMVEL (Ed.) (1996)
Plant Genetic Resources for Food and Agriculture.
German National Report for the Preparation of the 4th International Conference on Plant Genetic Resources (erhältlich beim IBV, kostenlos)
- BMVEL (Hrsg.) (2002)
Biologische Vielfalt in der Land-, Forst- und -Fischereiwirtschaft.
Informationsbroschüre. (beim BMVEL oder IBV erhältlich, kostenlos)
- BMVEL (Hrsg.) (2002)
Biological Diversity in Agriculture, Forestry and Fisheries
Informationsbroschüre. (beim BMVEL oder IBV erhältlich, kostenlos)
- IGR/AID (1996)
Noahs Neffen - vom Erhalt der genetischen Ressourcen
Videofilm, 30 Minuten. Der Film kann für 15,28 € beim AID, Konstantinstr. 124, 53179 Bonn, bestellt werden.
- IGR/AID (1996)
Noah`s Nephews
Video, 30 minutes. Available from AID, Konstantinstr. 124, 53179 Bonn, Germany, 15,28 €.

Alle Publikationen sowie weitere relevante Informationen sind im Internet verfügbar unter der URL:
http://www.zadi.de/ibv/igr_publication.htm

Themenrelevante Bände der BMVEL-Schriftenreihe "Angewandte Wissenschaft"

Heft 388 Pflanzengenetische Ressourcen, 7,66 €

Heft 422 Pflanzengenetische Ressourcen – Situationsanalyse und Dokumentations-systeme, 7,15 €

Heft 465 Biologische Vielfalt in Ökosystemen – Konflikt zwischen Nutzung und Erhaltung
Symposium der Arbeitsgruppe "Ökosysteme/Ressourcen" des Senats der Bundesforschungsanstalten im Geschäftsbereich des BML vom 22. bis zum 24. April 1997, 14,40 €

Heft 487 Genetische Ressourcen für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten
BML-Konzeption zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, 4,60 €

Heft 493 Molekularische Differenzierung verschiedener Rotviehpopulationen, 4,60 €

Heft 494 Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft

Symposium der Arbeitsgruppe "Ökosysteme/Ressourcen" des Senats der Bundesforschungsanstalten im Geschäftsbereich des BMVEL vom 15. – 17. Mai 2001, 15,00 €

Diese Bände sind zu beziehen beim:

Landwirtschaftsverlag GmbH, Leserservice, 48084 Münster

Die Bände 465, 487, 493 und 494 sind im Internet verfügbar unter:

<http://bmvel.zadi.de/anwis>