

Schriften zu Genetischen Ressourcen

Schriftenreihe des Informationszentrums für Genetische Ressourcen
(IGR)

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI)

Band 8

Züchterische Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen

– Ergebnisse und Forschungsbedarf –

Tagungsband eines Symposiums vom 29.09. bis 01.10.1997 in
Gatersleben

Herausgeber dieses Bandes

F. Begemann

Herausgeber: Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI)
Informationszentrum für Genetische Ressourcen (IGR)
Villichgasse 17, D – 53177 Bonn
Postfach 20 14 15, D – 53144 Bonn
Tel.: (0228) 95 48 - 200
Fax: (0228) 95 48 - 149
Email: igr@zadi.de

Schriftleitung: Dr. Frank Begemann

Layout: Gabriele Blümlein
Anette Scheibe

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

Schutzgebühr 15,- DM

ISSN 0948-8332

© ZADI Bonn, 1998

Vorwort des Herausgebers

Preface of the Editor

Vom 30. September bis 1. Oktober 1997 fand im Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben das diesjährige Symposium in der Reihe zu Genetischen Ressourcen statt. Die Tagung zum Thema "Züchterische Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen – Ergebnisse und Forschungsbedarf" wurde gemeinsam vom Informationszentrum für Genetische Ressourcen (IGR) der Zentralstelle für Agrardokumentation und –information (ZADI), dem IPK und der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e.V. (GPZ) veranstaltet.

Ziel des Symposiums war es, einen Beitrag zur Umsetzung des im Juni 1996 in Leipzig von mehr als 150 Staaten verabschiedeten Globalen Aktionsplans für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen zu leisten. Im Globalen Aktionsplan wird auf den dringenden Handlungs- und Forschungsbedarf u.a. im Bereich der weiteren Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen hingewiesen. Zur weiteren Inwertsetzung der genetischen Ressourcen kommt ihrer Nutzbarmachung für die Entwicklung leistungs- und anpassungsfähiger Sorten zur Gestaltung einer vielfältigen Landwirtschaft große Bedeutung zu. Dabei geht es u.a. um biotische und abiotische Resistenzen, die Qualitätssteigerung im Hinblick auf Inhaltsstoffe, Lagerungs- und Verarbeitungseigenschaften sowie um die Erschließung neuer Märkte auch im Bereich nachwachsender Rohstoffe.

Diese Forderungen decken sich mit dem Nationalen Bericht, der im Vorfeld der Leipziger Konferenz 1995 vom Nationalen Komitee erarbeitet wurde. Auf seiner abschließenden Sitzung kam das Nationale Komitee 1996 zu dem Schluß, daß ein besonderer Forschungsschwerpunkt im Bereich der Erhaltung und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen eingerichtet werden sollte.

Vor diesem Hintergrund war es das gemeinsame Interesse der rund 160 Tagungsteilnehmer aus Forschung, privater Pflanzenzüchtung und Verwaltung, darunter Vertretern des BMBF, BML und BMU, den Stand der

Wissenschaft bei der Beschreibung und Nutzung genetischer Diversität für die Pflanzenzüchtung darzustellen, Wissenslücken und Defizite zu identifizieren und den sich daraus ergebenden Forschungs- und Handlungsbedarf aufzuzeigen. Die Veranstaltung beschränkte sich dabei auf den Genbankbereich landwirtschaftlich genutzter Pflanzen.

Im einführenden Themenblock zu *"Genpools - Quellen genetischer Diversität"* stellten Genbankvertreter das Genpoolmanagement in Genbanken anhand einiger Beispiele vor. Genbanken haben vielfältige Aufgaben. Sie leisten in internationaler Zusammenarbeit einen wichtigen Beitrag zur Erhaltung der genetischen Vielfalt und stellen genetische Ressourcen für die Züchtung und Forschung sowie für den Naturschutz und Aktivitäten zur *On-farm*-Erhaltung zur Verfügung.

Der zweite Themenblock *"Moderne Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität"* zeigte, daß in diesem Bereich große Fortschritte erzielt wurden. Eine Übersicht über biochemische und molekulare Markermethoden und ihre spezifischen Vor- und Nachteile verdeutlichte die großen Möglichkeiten, die diese Methoden künftig eröffnen.

Mit der mit den Markermethoden einhergehenden Datenfülle befaßte sich der dritte Themenblock *"Datenverarbeitung und Informationsmanagement"*. Es wurden neue biometrische Methoden zur Untersuchung und Beschreibung genetischer Diversität vorgestellt. Die Nutzarmachung der genetischen Diversität hängt aber auch in hohem Maße von der Verfügbarkeit der Information ab. Hierzu wurden modellhaft die Arbeiten an einem Informationssystem für Evaluierungsdaten pflanzengenetischer Ressourcen vorgestellt, in dem Evaluierungsdaten zusammengeführt, ausgewertet und via Internet nutzerfreundlich angeboten werden sollen.

Die *"Nutzarmachung genetischer Ressourcen"* war das Thema des vierten Blocks. Dieses Ziel wird z.B. durch die züchterische Integration monogenisch und quantitativ bestimmter Eigenschaften sowie die Erstellung von Core-Kollektionen verfolgt. Die Praxis zeigt, daß Core-Kollektionen die

Verfügbarkeit und wissenschaftliche Bearbeitung von genetischen Ressourcen für die Züchtung erleichtern können.

"Züchterwünsche" standen im Mittelpunkt des letzten Themenblocks. Am Beispiel der Maiszüchtung wurde gezeigt, daß Genbanksammlungen für Zuchtprogramme in Europa und den USA aufgrund des hohen Leistungsunterschieds kaum genutzt werden. Insbesondere für ertragsarme Anbauggebiete eröffnet die Nutzung der genetischen Ressourcen jedoch, unterstützt durch Pre-Breeding-Programme, weitere Möglichkeiten. Bei der Züchtung für den ökologischen Landbau sind u.a. Eigenschaften, die bei den Handelssorten nicht vorhanden sind, gefragt. Hier können Genbanksortimente künftig eine größere Rolle spielen.

Nach den zahlreichen Vorträgen und Postern zu diesen Themen fand abschließend eine lebhafte Diskussion mit Podium und Plenum statt. Die Kernpunkte dieser Diskussion finden sich in der Zusammenfassung der Abschlußdiskussion in diesem Tagungsband. Insgesamt gibt der Band einen Eindruck über das umfangreiche Wissen und die vielfältigen Arbeiten zu diesem Themenkomplex in unserem Lande; er macht jedoch auch deutlich, wie dringend erforderlich verstärkte Anstrengungen, insbesondere auch in der Forschung, sind.

Dem Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten (BML) sei an dieser Stelle für die finanzielle Unterstützung der Veranstaltung gedankt.

Bonn, Februar 1998

Dr. Frank Begemann

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI)

Informationszentrum für Genetische Ressourcen (IGR)

Villichgasse 17

53177 Bonn

Inhaltsverzeichnis

Vorwort.....	i
Inhaltsverzeichnis.....	iii
Abkürzungsverzeichnis.....	ix
Zusammenfassung der Abschlußdiskussion.....	1

Vorträge

Genpools - Quellen genetischer Diversität

Genpools - Struktur, Verfügbarkeit und Bearbeitung für die Züchtung.....	4
<i>Genepools - Structure, availability and elaboration for breeding</i>	
K. HAMMER	

Optimierung des Genpoolmanagements in Genbanken am Beispiel des Korianders.....	15
<i>Optimizing the management of genepools in genebanks - the example of coriander</i>	
A. DIEDERICHSEN	

Praktisches Genpoolmanagement bei einem Fremdbefruchter - Zuckerrüben und verwandte Wildarten.....	26
<i>Practical genepool mangement of a cross pollinator - Sugar beets and related wild varieties</i>	
L. FRESE	

Praktisches Genpoolmanagement bei einem Selbstbefruchter – Gerste.....	38
<i>Practical genepool mangement of an inbreeding crop - barley</i>	
A. GRANER	

Moderne Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität

Effizienzvergleich biochemischer und molekularer Markermethoden zur Beschreibung genetischer Diversität.....	49
<i>Comparison of the efficiency of biochemical and molecular marker methods for the description of genetic diversity</i>	
G. KOCH	

Selektion auf die Malzqualität der Gerste mittels molekularer Marker.....	59
<i>Selection for malting quality in barley by means of molecular markers</i>	
M. BAUMER, A. KIPP UND G. SCHWEIZER	

Einsatz von modernen Methoden zur Beschreibung der genetischen Diversität am Beispiel von Gräsern.....	71
<i>The use of modern methods for the description of genetic diversity - a case study on forage grasses</i>	
U. FEUERSTEIN	

Nutzbarmachung biochemischer und molekularer Markermethoden für die praktische Züchtung.....	81
<i>Utilization of biochemical and molecular marker techniques in plant breeding</i>	
P. WEHLING	

Datenverarbeitung und Informationsmanagement

Biometrische Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität.....	93
<i>Statistical approaches to the analysis of genetic diversity</i>	
W. KÖHLER, J. PONS UND A. LANGSDORF	

Biometrische Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität - Fallbeispiele.....	110
<i>Application of different biometrical methods for description of genetic diversity</i>	
C. C. SCHÖN UND W. LINK	

Vergleich von Markern und QTLs verschiedener genetischer Karten bei Zuckerrüben (<i>Beta vulgaris</i> L.).....	118
<i>Comparison for markers and QTLs of different genetic maps in sugar beet (<i>Beta vulgaris</i> L.)</i>	
T. WESTERMANN UND E. WEBER	

EVA - Biometrische Aufbereitung und Präsentation von Evaluierungsdaten.....	127
<i>EVA - Biometrical Analysis and Presentation of Evaluation Data</i>	
S. HARRER	

Nutzbarmachung genetischer Ressourcen

Concept and application of core collections in genebanks.....	138
THEO J.L. VAN HINTUM	

Züchterische Nutzung monogenisch bestimmter Eigenschaften.....	145
<i>Use of monogenetic traits in plant breeding</i>	
G. WENZEL, B. FOROUGHI-WEHR, A. LÖSSL UND A. JAHOR	

Züchterische Integration quantitativ bestimmter Eigenschaften - Quantitativ-genetischer Ansatz	154
---	-----

Integration of quantitative traits in breeding - quantitative-genetic approach

T. PRESTERL, D. ŠIMIĆ, G. SEITZ UND H. H. GEIGER

Züchterische Integration quantitativ bestimmter Eigenschaften
- Molekulargenetischer Ansatz 166

*Utilization of genetic resources: Integration of quantitative traits
in breeding - molecular-genetic approach*

W. ECKE

Züchterwünsche

Nutzung genetischer Ressourcen in der Züchtung für den
ökologischen Landbau..... 176

Use of genetic resources in breeding for ecological farming

K.-J. MÜLLER

Nutzung genetischer Ressourcen in der Maiszüchtung..... 186

Use of genetic resources in maize breeding

P. G. GOERTZ

Untersuchung zur Charakterisierung gelbmosaikresistenter
Gersten mit Hilfe von oglio- und PCR-Fingerprinting..... 194

*Characterisation of barley genotypes resistant to barley yellow mosaic virus
with oglio- and PCR-fingerprinting*

A. SCHIEMANN, W. FRIEDT UND F. ORDON

Posterbeiträge

Weite Kreuzungen der einheimischen Getreide mit Arten der *Panicoideae*
zur Erschließung genetischer Ressourcen.....206

*Wide hybridization of indigenous cereals with species of Panicoideae
for exploitation of genetic resources*

P. ALTENHOFER UND F. MATZK

Interspezifische Hybriden als Resistenzquelle für die Sonnenblumen-
züchtung..... 209

Interspecific hybrids as source of resistance for sunflower breeding

J. DEGENER, A. E. MELCHINGER UND V. HAHN

Molekulare Charakterisierung von Genbank-Herkünften
und Sorten bei *Lactuca sativa* L..... 213

Molecular characterization of genebank accessions and varieties

of *Lactuca sativa* L.

K. J. DEHMER UND K. BACHMANN

Neueinführung von *Origanum vulgare* ssp. *hirtum* für den kommerziellen
Anbau in Deutschland..... 216

*Introduction of Origanum vulgare subsphirtum for commercial
growing in Germany*

K. HAMMER UND W. JUNGHANNS

Schutz heimischer pflanzengenetischer Ressourcen in Sachsen-Anhalt..... 219

Protection of local plant genetic resources in Saxony - Anhalt

K. HAMMER

Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops..... 223

K. HAMMER AND J. HELLER

Sekundäre Evaluierung von Genbankmaterial - Ergebnisse und
Informationsbereitstellung..... 228

Secondary evaluation of genebank material - results and information service

K. HAMMER, U. FREYTAG, U. WALTHER UND H. KNÜPFER

Landsorten der Linse - Von der Genbank über den Acker in den Magen..... 235

Landraces of lentre - from the genebank via the farmers field into the stomach

B. HORNEBURG UND H. C. BECKER

Informationsangebote der Genbank im Internet..... 239

Internet information service of the genebank Gatersleben

H. KNÜPFER, S. HARRER, J. D. JIMÉNEZ KRAUSE, L. LÓPEZ,

U. NEUBERT, T. NOWOTKA UND E. WILLNER

Genetic diversity and evolution of the diploid wheat *T. urartu*, *T. baeoticum*
and *T. monococcum* revealed by microsatellite markers..... 244

V. N. KORZUN, M. S. RÖDER, M. W. GANAL, K. HAMMER AND AND. A. FILATENKO

Multiple Resistenz in *Brassicaceen* aus der Gaterslebener Genbank
- *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV), *Alternaria*, *Plasmodiophora*, *Phoma* - 248

Multiple resistance in Brassicaceae at the gene bank Gatersleben
- *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV), *Alternaria*, *Plasmodiophora*, *Phoma*

R. KRÄMER, P. SCHOLZE UND K. HAMMER

Prüfung genetischer Ressourcen zur Erschließung neuer Resistenzquellen
bei Roggen (*Secale cereale* L.)..... 251

*Evaluation of genetic resources for the exploitation of new sources of
resistance in rye (Secale cereale L.)*

S. ROUX

Potential of wild barley (<i>H. spontaneum</i>) for improving quantitative traits in cultivated barley (<i>H. vulgare</i>) through backcrossing.....	254
J. SCHACHT AND J. LÉON	
Aufbau einer virusfreien <i>In-vitro</i> -Genbank von <i>Allium sativum</i> - Ergebnisse der Meristemkultur.....	258
<i>Establishment of a virus-free genebank - results of meristem-tip culture</i>	
A. SENULA, J. KELLER UND A. SCHIERHOLT	
Untersuchung von <i>Aegilops</i> -Herkünften der Genbank Gatersleben mit Hilfe von Weizen-Mikrosatellitenmarkern.....	260
<i>Microsatellite markers of wheat in the Aegilops-collection of the Gatersleben genebank</i>	
R. SOBEK, V. KORZUN, M. RÖDER UND A. BÖRNER	
Zwischenergebnisse eines 100-jährigen Lagerungsversuches mit Roggen in der Genbank Gatersleben.....	263
<i>Result of a long term storage test with rye within the genebank Gatersleben</i>	
C.-E. SPECHT, S. PISTRICK UND A. BÖRNER	
The genetic control of photoperiod response in barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.).....	265
S. STRACKE, V. KORZUN AND A. BÖRNER	
Integration von Bastarden mit der Wildgerste <i>Hordeum bulbosum</i> in den Zuchtprozeß von Wintergerste.....	267
<i>Integration of hybrids with the wild barley Hordeum bulbosum into the breeding process of winter barley</i>	
G. SZIGAT, M. HERRMANN UND H. RAPKE	
<i>Vicia faba</i> : Genbank-Akzessionen als Quelle neuer CMS-Systeme.....	271
<i>Vicia faba: Genebank accessions as source of new CMS systems</i>	
J. C. VAUPEL, W. EDERER, E. VON KITTLITZ UND W. LINK	
Evaluierung alter Kartoffelsorten - Kartoffelprojekt europäischer NRÖs im Rahmen der EU-Verordnung 1467/94.....	275
<i>Evaluation of old potato varieties - project of European NGOs under EU Regulation 1467/94</i>	
R. VOEGEL	
Teilnehmerliste.....	277

Abkürzungsverzeichnis

AFLP	<i>Amplified Fragment Length Polymorphism</i>
AP-PCR	<i>Arbitrarily Primed-PCR</i>
ASSINSEL	Internationaler Verband der Pflanzenzüchter für den Schutz von Pflanzensorten
BAZ	Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen
BBA	Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft
BD	<i>Biological Diversity</i> - Biologische Vielfalt
BML	Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten
BMU	Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit
CGIAR	<i>Consultative Group on International Agricultural Research</i> - Beratungsgruppe für Internationale Agrarforschung
CGN	<i>The Plant Genetic Resources' Centre of the Netherlands</i> , Wageningen
CPRO-DLO	<i>Centre for Plant Breeding and Reproduction Research - Centre for Genetic Resources of the Netherlands</i>
DNA	Desoxyribonukleinsäure (auch DNS)
DSV	Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH
ECP/GR	<i>European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks</i> - Europäisches Kooperationsprogramm für pflanzen-genetische Ressourcen
EVA	Informationssystem für Evaluierungsdaten pflanzengenetischer Ressourcen
FAL	Bundeforschungsanstalt für Landwirtschaft
FAO	<i>Food and Agriculture Organization of the United Nations</i> - Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen
GCLV	<i>Garlic Common Latent Virus</i>
GEM	<i>Germplasm Enhancement Maize</i>

GENRES	Informationssystem für Genetische Ressourcen - <i>Information System on Genetic Resources</i>
GFP	Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzen- züchtung e.V.
GR	Genetische Ressourcen
GRIN	<i>Genetic Resources Information Network</i> in den USA
GTZ	Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit
IGR	Informationszentrum für Genetische Ressourcen
IIRB	Internationales Institut für Zuckerrübenforschung
IPGRI	<i>International Plant Genetic Resources Institute</i> - Internationales Institut für Pflanzengenetische Ressourcen
IPK	Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung
ISSR-PCR	<i>Inter Simple Sequence Repeat-PCR</i>
KWS	Kleinwanzlebener Saatzucht AG
LPR	Landschaftsplanung Dr. Reichhoff GmbH 1995
LYSV	<i>Leek Yellow Dwarf Virus</i>
MAWEA	Majoranwerk Aschersleben GmbH
MiLAN	Mitteldeutsche Landschaftsplanungsgesellschaft mbH
OYDV	<i>Onion Yellow Dwarf Virus</i>
PCA	Hauptkomponentenanalysen
PCO	Hauptachsenanalysen
PCR	<i>Polymerase Chain Reaction</i> - Polymerase-Ketten-Reaktion
PGR	Pflanzengenetische Ressourcen
PGRFA	<i>Plant Genetic Resources for Food and Agriculture</i> - Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft
QTL	<i>Quantitative Trait Loci</i>

RAPD	<i>Random Amplified Polymorphic DNA</i>
RFLP	Restriktions-Fragment-Längenpolymorphismus
SLV	<i>Shallot Latent Virus</i>
SSR	<i>Simple Sequence Repeat</i>
TFM	Tausendfruchtmasse
TMV	Tabakmosaikvirus
TuMV	Kohlschwarzringfleckigkeit
UPGMA	<i>Unweighted Pair Group Method using an Algorithmus „Average Linkage“</i>
VIR	<i>N.I. Vavilov All-Russian Scientific Research Institute of Plant Industry - Vavilov-Forschungsinstitut (Sitz der russischen Genbank, St. Petersburg)</i>
WBN	Welt <i>Beta</i> Netzwerk
WMS	<i>Established and mapped microsatellite markers of wheat</i>
ZADI	Zentralstelle für Agrardokumentation und -information

Zusammenfassung der Abschlusßdiskussion

G. RÖBBELEN¹, W. FRIEDT², G. FISCHBECK³, K. BACHMANN⁴, K. HAMMER⁴ UND F. BEGEMANN⁵

Moderation: Prof. Dr. G. Fischbeck, TU München, Freising-Weihenstephan

Podiumsteilnehmer: Min. Dir. Dr. K. Bauer, BMBF, Bonn
Prof. Dr. U. Wobus, IPK, Gatersleben
Dr. L. Frese, BAZ, Braunschweig
Dipl. Ing. agr. H. Busch, DSV, Lippstadt/Thüle
Dr. K. Brunckhorst, Lochow-Petkus, Wetze
Prof. Dr. W. Friedt, Universität, Giessen

Ziel des Symposiums war es, den Stand der Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen für die Pflanzenzüchtung darzustellen, Wissenslücken und Defizite der Bearbeitung zu identifizieren und den sich daraus ergebenden Forschungs- und Handlungsbedarf aufzuzeigen. Mit Bedacht war die Behandlung der Thematik auf den Bereich der landwirtschaftlich genutzten Pflanzenarten und hier in erster Linie auf Fragen einer effizienteren Behandlung von *Ex-situ*-Sammlungen, d.h. der Genbanken im engeren Sinne, beschränkt worden. Dementsprechend konnte für diesen Sektor aus der Reihe der Vorträge ein guter Überblick über die Situation der pflanzengenetischen Ressourcen zumindest aus Sicht der in der Bundesrepublik Deutschland damit befaßten Kreise der Wissenschaft und Züchtungspraxis gewonnen werden.

¹ Georg-August-Universität
Institut für Pflanzenbau u. Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen

² Universität Gießen
Institut für Pflanzenbau u. Pflanzenzüchtung
Ludwigstr. 23
35390 Gießen

³ TU München
Lehrstuhl für Pflanzenbau u. Pflanzenzüchtung
85350 Freising

⁴ Institut für Pflanzengenetik u. Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben

⁵ Zentralstelle für Agrardokumentation u. -information (ZADI)
Informationszentrum f. Genetische Ressourcen (IGR)
Villichgasse 17
53177 Bonn

Zusammenfassung der Abschlußdiskussion

Mit der abschließenden Gesamtdiskussion im Podium und Plenum wurde unter der bewährten Leitung von Prof. Fischbeck versucht, die Quintessenz der Tagung bezüglich zukünftiger Forschungsthemen und Handlungserfordernisse zu destillieren. In der hier gebotenen Kürze lassen sich die vielfältigen Beiträge der überaus lebhaften Diskussion in 9 Punkte zusammenfassen:

- 1) Für die züchterische Bewertung und Nutzung pflanzen genetischer Ressourcen wird übereinstimmend die Entwicklung von genetischen Karten für wichtige Kulturpflanzenarten und von molekularen Markern für deren züchterisch wertvollen Merkmale als prioritäres Forschungsgebiet bezeichnet und anerkannt.
- 2) Derzeit muß davon ausgegangen werden, daß zumeist nur erst wenige molekulare (DNA-) Marker bereits vorhanden und viele noch zu entwickeln sind. Über die bevorzugte Verwendung einzelner Markertypen sollten nach Abwägung ihrer Vor- und Nachteile Prioritätsentscheidungen für bestimmte Einsatzbereiche bzw. Pflanzenarten getroffen und der weiteren Entwicklung zugrunde gelegt werden. Es darf erwartet werden, daß hochgradig informative molekulargenetische Karten schließlich auch die erwünschte Grundlage bieten können für eine effektive Durchmusterung größerer Serien von Genbankmustern nach genetischer Diversität für züchterisch interessante Merkmalskomplexe.
- 3) Während die molekular-genetischen Kartierungsarbeiten u.U. auch schon ohne Beteiligung der Genbank an Modellobjekten begonnen werden können, erfordert die Einfügung von Kopplungswerten für züchterisch relevante Merkmale umfangreiche Untersuchungsdaten aus Gewächshaus und Feldversuchen. Hierfür erscheint die Beteiligung einer möglichst großen Anzahl von Instituten und interessierten Zuchtbetrieben unabdingbar, wofür ein wirksamer organisatorischer Rahmen baldmöglich entwickelt werden sollte.
- 4) Ob bzw. welche Markerstrukturen über engere oder weitere Artgrenzen hinweg übertragbar sind, ist noch eine weitgehend ungeklärte Frage, trotz der zunächst großen Hoffnung die sich auf die ersten Befunde über Syntenie-Erscheinungen stützen. Im Hinblick auf eine umfassende Nutzung von molekularen Markerkarten, wie sie zunächst nur an den bedeutendsten (Leit-) Pflanzenarten entwickelt werden können, sollten spezifische Forschungsarbeiten zu diesem Themenkreis schon jetzt beginnen.
- 5) Für die unmittelbare züchterische Verwendung von Genbankmaterial ist dessen Evaluierung Voraussetzung, was primär Klassifizierung und Charakterisierung und anschließend Beschreibung und Bewertung in Hinsicht auf züchterische Verwendbarkeit bedeutet. Während die primäre Evaluierung in aller Regel in der Genbank selbst durchgeführt werden muß, ist für die sekundäre Evaluierung vielgestaltige Zuarbeit von Spezialisten der Züchtungsforschung unabdingbar, um die erwünschten Eigenschaften in der erwünschten Breite erfassen zu können. Hier sind abgestimmte Programme dringend erforderlich, um den großen Umfang an erforderlichen Arbeiten bewältigen zu können.

- 6) Ein hilfreiches Instrument, das den Zugang zur züchterischen Nutzung von Genbankmaterial erleichtern kann, ist die Entwicklung von Core-Kollektionen und ihre bevorzugte Verwendung in Evaluierungsprojekten. Obwohl es kein generell anwendbares Verfahren für die Zusammenstellung einer Core-Kollektion gibt, ist ihre Extraktion aus größeren Genbanksammlungen auch ohne unmittelbare Stützung durch molekulare Untersuchungen möglich und sollte daher unmittelbar und verstärkt in Angriff genommen werden.
- 7) Core-Kollektionen sind auch eine wichtige Grundlage für Forschungsarbeiten über effektive Strategien zur Erstellung und Erhaltung von Genbanksammlungen. Es muß den Ergebnissen aussagefähiger Forschungsarbeiten vorbehalten bleiben, unter welchen Voraussetzungen und in welchem Umfange Core-Kollektionen darüber hinaus geeignet sein könnten, nicht nur den Zugang zu umfangreicheren Sammlungen zu erschließen, sondern ggf. auch deren Umfang zu reduzieren.
- 8) Als schwächstes Glied in der Kette zu einer verstärkten Nutzung von Genbankmaterial in aktuellen Züchtungsprogrammen wird das „Pre-breeding“ angesehen, das gegenwärtig nur in Ausnahmefällen ausreichend betrieben und wegen seines großen Zeit- und Arbeitsbedarfs vielfach in praktischen Zuchtprogrammen nicht geleistet werden kann. Hierfür fehlt es bereits an effizienten Methoden, mit denen diese in aller Regel langwierigen Aufgaben einer leistungsbezogenen Adaption primärer Genressourcen schneller und sicherer bewältigt werden könnten. Es wird anerkannt, daß bessere Lösungen sowohl fruchtarten- als auch merkmalspezifische Differenzierungen berücksichtigen sollten. In jedem Falle sollte angestrebt werden, „Pre-breeding“-Aktivitäten nach Möglichkeit mit lohnenden Forschungsarbeiten zu verbinden.
- 9) Nicht zuletzt wird Handlungsbedarf auch im Hinblick auf eine klare und gemeinsam getragene Formulierung prioritärer Züchterwünsche gesehen. Dem könnte durch noch konsequentere Nutzung bereits vorhandener Organisationsstrukturen, wie denen der GFP, Rechnung getragen werden.

Genpools - Struktur, Verfügbarkeit und Bearbeitung für die Züchtung

Genepools - Structure, availability and elaboration for breeding

KARL HAMMER¹

Zusammenfassung

Das Genpoolkonzept von HARLAN UND DE WET (1971) und die vorhergehende Diskussion zu den pflanzengenetischen Ressourcen haben fast ein halbes Jahrhundert die wesentlichen Ansätze und Forschungen der Genbanken bestimmt. Seit den achtziger Jahren kommt als starkes neues Element die Untersuchungen zur Biodiversität dazu. Die anfängliche Konzentration der Biodiversitätsuntersuchungen auf die Diversität der Arten beeinflusste kaum die Arbeiten der Genbanken, obwohl auf diesem Gebiet, sowohl bei den Kulturpflanzen als auch bei den pflanzengenetischen Ressourcen insgesamt, recht wenige Forschungsergebnisse vorliegen. Dagegen konnte sich der Aspekt der genetischen Diversität an zahlreichen Untersuchungen zu den genetischen Ressourcen orientieren, wenn das auch nur in relativ wenigen Fällen geschehen ist. Arbeiten zur *In-situ*- einschließlich *On-farm*-Erhaltung nehmen einen immer breiteren Raum ein, obwohl viele grundsätzliche Probleme nicht gelöst sind, und die Genbanken der Welt gerade im infraspezifischen Bereich der wichtigsten Kulturpflanzen und ihrer wildwachsenden Verwandten über ein sehr umfangreiches Material verfügen.

Als dritter Aspekt ist die Ökosystem-Diversität zu nennen. Für Wildpflanzen sollte in diesem Rahmen der Schwerpunkt der Schutzbemühungen liegen. Die sogenannte *Ex-situ/In-situ*-Kontroverse zeigt, daß Methoden des Wildpflanzenschutzes oft sehr vereinfacht auf Kulturpflanzen übertragen werden. Die *On-farm*-Erhaltung steckt noch in den Kinderschuhen. Sie sollte sich aber für die große Menge der selten genutzten und vernachlässigten Kulturpflanzenarten zu der vorherrschenden Methode entwickeln lassen.

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

Die Verfügbarkeit der pflanzengenetischen Ressourcen in den Genbanken ist relativ hoch. Nach dem Weltzustandsbericht der FAO befinden sich rund 6,1 Millionen Muster in den Genbanken der Welt. Diese optimistisch klingende Größe wird aber durch eine Reihe von Faktoren relativiert. Der Zugriff auf die *In-situ*-Bestände ist unvergleichbar schwieriger. Darüber hinaus sollte beachtet werden, daß schätzungsweise nur noch etwa 25% der Landsorten im Anbau sind und eine Wiedereinführung des zahlreichen Materials aus den Genbanken in die landwirtschaftliche Praxis nicht möglich ist. Trotzdem sehen sowohl das Übereinkommen über die biologische Vielfalt als auch der Globale Aktionsplan der FAO eine deutliche Priorität für die *In-situ*-Erhaltung.

Das Material in den Genbanken muß in geeigneter Weise für die Züchtung bearbeitet werden. Dazu gehören sowohl die internen Leistungen der Genbank (Merkmalsbeschreibungen, Bonituren etc.), als auch kooperative Ansätze mit Fachspezialisten (sekundäre Evaluierungen). *Pre-Breeding* wird nur in Ausnahmefällen in relativ geringem Umfang von den Genbanken realisiert werden können.

Summary

The genepool concept of HARLAN AND DE WET (1971) and earlier discussions about plant genetic resources have determined the principal approaches and the research of genebanks for nearly half a century. Since the beginning of the eighties, investigations on biodiversity have added an important new aspect. Originally, research on diversity concentrated on the species level and only marginally influenced genebank research and activities, although in crop plants and also in plant genetic resources as a whole rather few results have been obtained on this level. The level of genetic diversity, however, was well developed in *ex-situ* conservation and could have influenced biodiversity research, but failed to do so with the exception of relatively few cases. *In-situ* including *on-farm* conservation is increasingly advocated, though various crucial problems have not been solved. The genebanks of the world keep a comprehensive material of the most important crops and their wild relatives on the infraspecific level.

Ecosystem diversity is the third important aspect. For the conservation of wild plants this should be the main area. The so called "*ex-situlin-situ* controversy" shows, that the methodology developed for the protection of wild plants is often simplistically proposed also for crop plants. *On-farm* conservation is still developing. But this method of conservation is necessary for the large amount of neglected and underutilized crops.

The availability of plant genetic resources in the genebanks is relatively high. The state of the world report of FAO reports about 6,1 Million accessions in the genebanks. This sounds rather optimistic but there are several critical factors. The availability of material from *in-situ* conservation is more difficult. Moreover, only about 25 % of the landraces are still grown in fields and gardens and a reintroduction

of all of the rich material from the genebanks is not possible. Nevertheless, the Convention on Biological Diversity as well as the Global Plan of Action of FAO strongly prioritize *in-situ* conservation.

The material in the genebanks has to be elaborated for plant breeding. Included are efforts from the genebanks (determination, characterization, primary evaluation) as well as cooperation with crop and other specialists (secondary evaluation). As an exception also *Pre-Breeding* can be performed on a limited scale by genebanks.

1 Einleitung

Das Genpool-Konzept von HARLAN UND DE WET (1971) dominiert seit der zweiten Hälfte unseres Jahrhunderts das Denken bei Arbeiten an und mit, wie wir sie heute nennen, genetischen Ressourcen. Dieser Begriff wurde 1967 auf einer Konferenz innerhalb des "*International Biological Programme*" geprägt (HAWKES 1997, vgl. auch FLITNER 1995). 1970 erschien der entsprechende Tagungsband (FRANKEL AND BENNETT 1970), der zum Meilenstein der wichtigen Strömung zur Nutzung und zum Schutz pflanzengenetischer Ressourcen wurde, und der die genetische Diversität der Kulturpflanzen und ihrer wildwachsenden Verwandten in den Mittelpunkt von weltumspannenden Untersuchungen stellte. Im Ergebnis dieser internationalen Aktivitäten sind 6,1 Millionen Akzessionen in den Genbanken aufgenommen worden (FAO 1996a). Das ist eine beispiellose Anstrengung, die unternommen wurde, um den Auswirkungen der Generosion vorzubeugen, die wertvolles Material für die Ernährung der Menschheit und weitere aus der Landwirtschaft stammende Produkte vernichtet hat oder zu vernichten droht. Es hat den Eindruck, als ob die Anzahl der Genbanken in der Welt sich einem oberen Grenzwert schon sehr genähert hat. Ebenso sind die Kapazitäten der einzelnen Genbanken in der Regel ausgeschöpft. Es kommt also auf eine intensive und effektive Nutzung der vorhandenen Kapazitäten an.

Neue Ansätze und Methoden sind notwendig, um der Herausforderung durch die Generosion zu begegnen, die nicht nur *in situ* voranschreitet, sondern auch in wachsendem Umfang die *Ex-situ*-Einrichtungen heimsucht. Verbreitet wird über die Einbeziehung von Elementen der modernen Biologie in die Arbeit der Genbank berichtet. Sowohl für die Erhaltung des Materials selbst als auch für seine Nutzung in der und für die Pflanzenzüchtung hat die moderne Biologie große Fortschritte herbeigeführt, die verschiedentlich gewürdigt worden sind (u.a. CONWAY 1992, CALLOW ET AL. 1997).

Dagegen sind die Impulse aus den Arbeiten zur Biodiversität, die seit Beginn der achtziger Jahre einen immer breiteren Raum einnehmen, in ihrem Einfluß auf die Genbanken zwar deutlich spürbar, aber sie sind kaum einer notwendigen Bewertung unterzogen worden. Bestenfalls hat man der *In-situ*-Erhaltung im Gegensatz zu den bisherigen Verfahrensweisen beim Umgang mit den pflanzengenetischen Ressourcen eine größere Bedeutung zugemessen. Manchmal auch in Anlehnung an Grundprinzipien der Biodiversität, die sich aus dem Schwerpunkt der Wildarten ergeben, würde diese Betonung bis zur Ablehnung der *Ex-*

situ-Erhaltung gesteigert. Diese Tatsache führte nicht gerade zu einer besonderen Wertschätzung der Vorstellungen der Biodiversität im „*Ex-situ*-Lager“.

2 Struktur

In der Anfangsphase der Diskussionen zur Biodiversität spielte betont die Erhaltung der Arten eine Rolle. Für die pflanzengenetischen Ressourcen schien dieser Aspekt nicht von herausragender Bedeutung zu sein. Dabei gibt es hier auch für die Kulturpflanzen, die den wichtigsten Teil der pflanzengenetischen Ressourcen ausmachen, durchaus Forschungsbedarf, wie bei der Erstellung des Mansfeld-Verzeichnisses (SCHULTZE-MOTEL 1986) sichtbar wurde. Sammelreisen konnten unter Nutzung der Check-Listen-Methode (HAMMER 1991) zur Schließung von Lücken in Kulturpflanzenfloren bestimmter Länder herangezogen werden. Eine aktuelle Schätzung zu den Kulturpflanzen (ohne Zier- und Forstpflanzen) liegt vor. Kalkulationen gibt es für Deutschland und Europa (Tab. 1). Die pflanzengenetischen Ressourcen sind in einem Pilotprojekt für Deutschland erfaßt worden (vgl. HAMMER UND SCHLOSSER 1995). Auf der Basis dieser Zahl wurde ein erster Näherungswert für Europa und die Welt bestimmt. Jetzt ließ sich noch die Relation zur Gesamtanzahl der Höheren Pflanzen für die Zielgebiete darstellen (Tab. 1).

Tab. 1: Artenzahlen der insgesamt vorhandenen/ausgestorbenen bzw. gefährdeten Wildpflanzen, pflanzengenetischen Ressourcen (PGR) und Kulturpflanzen in Deutschland, Europa und auf der Welt (nach HAMMER UND GLADIS 1996, geschätzt, vgl. HAMMER 1995, MOORE 1982, LUCAS UND SYNGE 1996)

Tab. 1: Number of existing/extinct or endangered wild species, plant genetic resources (PGR) and cultivated plants in Germany, Europe and worldwide

	Höhere Pflanzen	davon PGR	davon Kulturpflanzen
Deutschland	2.500/340 ¹⁾	1.055/142 ¹⁾	150/20 ¹⁾
Europa	11.500/1550 ¹⁾	4.730/640 ¹⁾	500/67 ¹⁾
Welt	250.000/33.730 ²⁾	100.000/13.500 ¹⁾	7.000/940 ¹⁾

¹⁾ kalkuliert nach LUCAS UND SYNGE 1996

²⁾ aus LUCAS UND SYNGE 1996

Es ist deutlich, daß die Artenanzahl für genetische Ressourcen sehr hoch ist. Mit der Zunahme der Nutzungsmöglichkeiten in der Züchtung kann immer mehr Material in Kreuzungsprogramme einbezogen werden, und in einigen Fällen wird die Artgrenze überschritten. In der Regel bildet die Gattungsgrenze ein sehr starkes Hindernis für weitere Fortschritte der herkömmlichen Züchtungsforschung (HAMMER UND WILLNER 1996). Für gentechnische Ansätze würde praktisch die gesamte Biodiversität zur Verfügung stehen.

Traditionsgemäß findet bei den Kulturpflanzen die intraspezifische Variabilität besondere Berücksichtigung. Im Rahmen der Biodiversitätsforschung ist die genetische Vielfalt erst relativ spät in die Diskussionen mit einbezogen worden. Die Kulturpflanzenforschung sollte hier wichtige Erkenntnisse und Modelle liefern können.

Einen ersten Eindruck der genetischen Vielfalt wichtiger Kulturpflanzen vermittelt Tabelle 2. Dabei sind in den Genbanken der Welt für die 30 wichtigsten Fruchtarten mehr als 3,6 Millionen Akzessionen vertreten. Natürlich wird dieser Eindruck durch den Einschluß einer erheblichen Anzahl an Duplikaten verstärkt. Aber es ist bekannt, daß die intraspezifische Variabilität bei den reich gegliederten traditionellen Kulturpflanzen besonders hoch ist.

Ein dritter Aspekt ist noch wichtig für die Biodiversität - die Ökosystemvielfalt. Bei den Kulturpflanzen manifestiert sie sich im Rahmen des landwirtschaftlichen und gärtnerischen Anbaus mit traditionellen Sorten. In stark kleinbäuerlich ausgerichteten Gebieten Südtaliens und Albaniens ist eine Generosion von etwa 75 % zu verzeichnen (HAMMER ET AL. 1996), d.h. rund 25 % würden noch aus dem autochthonen Anbau vorhanden sein. In den Industrieländern ist dieser Anteil wesentlich geringer, während in manchen Entwicklungsländern mit einem höheren Anteil an traditionellen Sorten zu rechnen ist. Nur in diesem insgesamt recht bescheidenen Umfang würden sich Möglichkeiten für eine Etablierung und Weiterentwicklung der sogenannten *On-farm*-Erhaltung ergeben. Für die Wildarten unter den genetischen Ressourcen allerdings ist die *In-situ*-Erhaltung die Methode der Wahl.

Tab. 2: Die 30 wichtigsten Kulturpflanzen der Welt und ihr Sammlungsbestand *ex situ* (nach FAO 1996b)

Tab. 2: The thirty most important crops and the number of accessions *ex situ*

Fruchtart	Anzahl Muster	Fruchtart	Anzahl Muster
Weizen	784 500	Ackerbohne	29 500
Gerste	485 000	Maniok	28 000
Reis	420 500	Kautschuk	27 500
Mais	277 000	Linse	26 000
Bohnen	268 500	Knoblauch/ Zwiebel	25 500
Sojabohnen	174 500	Zuckerrübe	24 000
Sorghum- Hirse	168 500	Ölpalme	21 000
Kohl	109 000	Kaffee	21 000
Vigna	85 500	Zuckerrohr	19 000
Erdnuß	81 000	Yamswurzel	11 500
Tomate	78 000	Banane/ Kochbanane	10 500
Kichererbs e	67 500	Tabak	9 705
Baumwolle	49 000	Kakao	9 500
Süßkartoff el	32 000	Taro	6 000
Kartoffel	31 000	Kokosnuß	1 000
Sammlungsbestand insgesamt		3.646.705	

3 Verfügbarkeit

Nach Schätzungen von LUCAS AND SYNGE (1996) sind mehr als 33.000 Arten von höheren Pflanzen in unserem Jahrhundert ausgestorben und gefährdet. Eine Modellkalkulation vermittelt das Ausmaß des Verlustes bzw. der Gefährdung im Problemfeld der pflanzengenetischen Ressourcen (Tab. 1). Legt man die Kalkulation von FARNSWORTH AND SOEJARTO (1985) zugrunde, die den Verlust einer Art mit 203 Millionen US \$ bewerten, käme man für die pflanzengenetischen Ressourcen zu der phantastischen Verlustsumme von 2.740 Milliarden US \$, einer Zahl, die sich in etwa mit den Kalkulationen von 1985 deckt (3.248 Milliarden US \$). Die Generosion in der Landwirtschaft ist zu einem erheblichen Anteil für die Verluste verantwortlich. Der Weltzustandsbericht der FAO (FAO 1996b) spezifiziert die Gründe

für die Erosion weltweit (vgl. Tab. 3), wobei die Verdrängung lokaler Landsorten bei 82 Ländern als Grund für den Verlust an genetischer Diversität in der Landwirtschaft zutreffend ist.

Tab. 3: Ursachen für den gegenwärtigen Verlust an genetischer Diversität in der Landwirtschaft entsprechend den Länderberichten (nach FAO 1996b)

Tab. 3: Causes of genetic erosion in agriculture mentioned in country reports (FAO 1996b)

Ursachen	Anzahl der Länder, für die diese Ursachen zutreffen
Gesetzgebung/Politik	23
Unruhen	6
Bevölkerungswachstum ¹	46
Krankheiten, Unkräuter, Schädlinge	9
Umweltzerstörung	34
Rodung ²	62
Überbeweidung	33
Verkürzte Brache ³	6
Übernutzung in den Landwirtschaftssystemen	18
Verdrängung von Lokalsorten	82

1 einschließlich Ausbreitung der Städte

2 einschließlich Entwicklung und Flächenbrände

3 berichtet für Brandrodungssysteme

Alle diese Gründe schränken die Verfügbarkeit an pflanzengenetischen Ressourcen insgesamt ein. Positiv sind daher die Bestrebungen zu sehen, wichtige Ressourcen in die Genbanken auf- zunehmen und für die verschiedensten Zwecke verfügbar zu halten. Die Leistungen auf diesem Gebiet sind als großer Erfolg internationaler und nationaler Bemühungen zu werten, wenn es auch Unterschiede zwischen den verschiedenen Regionen der Erde gibt. So ist beispielsweise Afrika insgesamt deutlich unterrepräsentiert (Tab. 4). Offensichtliche Probleme gibt es mit der Konzentration auf relativ wenige Fruchtarten (Tab. 2). So kommt es, daß die wichtigsten Fruchtarten relativ gut in den Genbanken vertreten sind, die große Menge der Kulturpflanzenarten und ihrer verwandten Wildarten aber stark unterrepräsentiert oder gar nicht vorhanden ist. Innerhalb der Genbanken gibt es eine Reihe von Problemen, die sich nachhaltig auf das Fortschreiten der Generosion auswirken (Tab. 5). Nach Schätzungen von Insidern ist davon auszugehen, daß etwa 50 % des Materials in den Genbanken gefährdet sind. Zur Generosion in Genbanken gibt es sonst nur sehr wenige konkrete Hinweise (vgl. z.B. HAMMER 1993).

Ist die Verfügbarkeit der pflanzengenetischen Ressourcen aus dem *Ex-situ*-Sektor, bei allen Problemen, als hinreichend bis gut einzuschätzen, gibt es für den *In-situ*-Bereich noch zahlreiche ungelöste Probleme. Die sich erst zögerlich entwickelnde *On-farm*-Erhaltung ist insgesamt noch wenig etabliert und kann damit nur einen geringen Anteil der Gesamtressourcen, besonders bei den Kulturpflanzen, abdecken. Auch gibt es Kritiken an der *On-farm*-Erhaltung, die aus der Analyse der bisherigen Erfahrungen nur wenige Hoffnungen auf ein erfolgreiches Vorgehen ableiten (vgl. z.B. ZEVEN 1996). Andere frühe Vorschläge zur *On-farm*-Erhaltung (z.B. KUCKUCK 1974) blieben ebenfalls ohne größere Resonanz. Erst der aufkommende Einfluß des Biodiversitätsgedankens brachte einen allmählichen Wandel. Aber selbst 1984 fand ein Vorschlag zum Schutze von Feldern in Süditalien, auf denen noch Einkorn und Emmer im Anbau waren (PERRINO AND HAMMER 1984), keinen nennenswerten Widerhall. Die evolutionäre Bedeutung einer *On-farm*-Erhaltung mußte noch stärker herausgearbeitet werden. Dazu war besonders der Hinweis auf Introgressionen wichtig (vgl. HAMMER ET AL. 1997). Der eigentliche Durchbruch wurde aber von mehreren Forschungsgruppen etwa zeitgleich in tropischen und subtropischen Gebieten erzielt, unter anderem auch deshalb, weil hier die Generosion noch nicht so weit fortgeschritten war (vgl. z.B. ESQUIVEL AND HAMMER 1988, BRUSH 1995).

Insgesamt sind zur *On-farm*-Erhaltung einschließlich der Versuche zur züchterischen Verbesserung der Kulturpflanzen unter diesen Bedingungen (z.B. EYZAGUIRRE AND IWANAGA 1996, VAN DER HEIDE ET AL. 1996) noch zu wenige Erfahrungen vorhanden, um die auf den Feldern und in den Gärten noch vorhandenen Landsorten dauerhaft bewahren und weiterentwickeln zu können, ganz abgesehen von einer angestrebten Übernahme der großen Materialfülle der Genbanken. Es ist nicht so sehr erstaunlich, daß das Übereinkommen über die biologische Vielfalt insgesamt ganz überwiegend von Maßnahmen der *In-situ*-Erhaltung ausgeht, sondern daß auch der Globale Aktionsplan der FAO gleiche Prioritäten setzt. Die Verfügbarkeit der pflanzengenetischen Ressourcen ist auf diese Weise kaum gesichert.

Tab. 4: Anzahl der *Ex-situ*-Sammlungen und in ihnen betreutes Material weltweit (nach FAO 1996a)

Tab. 4: Number of *ex-situ* collections and conserved accessions, by region

Region	Genbanken		Muster	
	Anzahl	%	Anzahl	%
Afrika	124	10	353.523	6
Asien	293	22	1.533.979	28
Europa	496	38	1.934.574	35
Naher Osten	67	5	327.963	6
Nordamerika	101	8	762.061	14
Lateinamerika und Karibik	227	17	642.405	12
Summe	1.308	100	5.554.505	100
CGIAR			593.191	
Gesamtsumme			6.147.696	

Tab. 5: Problemanalyse der *Ex-situ*-Sammlungen weltweit (nach FAO 1996a)

Tab. 5: Analysis of problems in *ex-situ* collections, by region

Region	Anzahl Länder	Anzahl Muster	Probleme bezogen auf die Muster					
			1 (in %)	2 (in %)	3 (in %)	4 (in %)	5 (in %)	6 (in %)
Europa	24	1.468.102	50	35	37	20	35	36
Naher Osten	14	271.343	60	30	35	22	35	21
Afrika	21	279.659	70	20	42	22	48	2
Asien	16	1.307.543	50	20	32	22	31	22
Amerika	20	1.171.146	55	22	50	45	37	9
Insgesamt	95	4.497.793						

1 = Schlechte bzw. fehlende Langzeitlagerung

2 = Probleme mit Fremdbefruchtern

3 = Finanzielle Probleme

4 = Technische Probleme

5 = Personalprobleme

6 = keine spezifischen Probleme

4 Bearbeitung für die Züchtung

Mit der zunehmenden Bearbeitung des Materials steigt auch seine Nutzbarkeit für die Züchtung. In der Genbank können in der Regel die Charakterisierung und primäre Evaluierung durchgeführt werden. Auch Linientrennungen, die zur sicheren Erhaltung des Materials notwendig sind (vgl. HAMMER 1993), können den Zugriff durch die Pflanzenzüchtung erleichtern.

Dagegen werden die sekundären Evaluierungen in der Regel mit Spezialisten außerhalb der Genbank vorgenommen. Jahrzehntelange Erfahrungen gibt es dazu mit Einrichtungen der Züchtungsforschung u.a. auf dem Gebiet der Resistenzprüfung (vgl. HAMMER 1991). Eine Zusammenstellung aller derartigen Untersuchungen für die ersten 50 Jahre der Genbank Gatersleben gibt interessante Aufschlüsse (vgl. HAMMER ET AL. 1994).

Weitergehende Arbeiten, beispielsweise zum *Pre-Breeding*, können die Genbanken nur in den seltensten Fällen leisten.

5 Schlußfolgerungen

Die bisherigen Ausführungen haben gezeigt, daß es kein allgemein gültiges Konzept für eine einzige Erhaltungsart geben kann. *In-situ*-Erhaltung ist die Methode der Wahl für die meisten Wildpflanzen. *Ex-situ*-Erhaltung in Genbanken ist für reich gegliederte Kulturpflanzen notwendig, um dem Verlust durch die Generosion vorzubeugen. *On-farm*-Erhaltung als relativ neues Konzept kann vor allem die derzeit herrschende Lücke für die zahlreichen vernachlässigten bzw. untergenutzten Kulturpflanzenarten schließen.

Auch die Evolutionsform der pflanzen genetischen Ressourcen spielt eine Rolle. So ist es wichtig, neben den Wild- und Kulturpflanzen auch die Unkräuter einer besonderen Betrachtung zu unterziehen. Es wurde ein Argumentationsschema entwickelt (Tab. 6), das eine bessere Einschätzung der Erhaltungsmodi in Abhängigkeit von der Form der Diversität und der Evolutionsform gestattet. Aus dieser Struktur leitet sich ein differenziertes Vorgehen für die Erhaltung pflanzen genetischer Ressourcen ab. Die Verfügbarkeit ist auch für viele Wildarten nur durch *Ex-situ*-Maßnahmen gewährleistet.

Tab. 6: Die Erhaltungsmethoden und ihre Bedeutung für unterschiedliche Gruppen von pflanzengenetischen Ressourcen in Abhängigkeit von der spezifischen Diversität

Tab. 6: The conservation methods and their importance for different groups of plant genetic resources depending on the specific diversity

Erhaltungsmodus	Diversität		
	Genetische Vielfalt	Artenvielfalt	Ökosystem Vielfalt
<i>Ex situ</i> Genbanken	K ⁺⁺⁺ V ⁺ U ⁺	K ⁺⁺ V [°] U ⁺	K [°] V ⁺⁺⁺ U [°]
<i>On farm</i> (Agroökosysteme)	K ⁺⁺ V ⁺ U ⁺	K ⁺⁺⁺ V [°] U ⁺⁺	K [°] V ⁺⁺⁺ U [°]
<i>In situ</i> (and. Ökosysteme)	K [°] V [°] U [°]	K ⁺⁺ V [°] U ⁺⁺	K [°] V ⁺⁺⁺ U [°]

K = Kulturpflanzen ° = keine Bedeutung
 V = verwandte Wildarten + = geringe Bedeutung
 U = Unkräuter ++ = wichtig
 +++ = sehr wichtig

6 Literatur

- BRUSH, S.B. (1995): *In-situ* conservation of landraces in centers of crop diversity. *Crop Sci.* **35**, 6-354.
- CALLOW, J.A., B.V. FORD-LLOYD AND H.J. NEWBURY (EDS.) (1997): *Biotechnology and Plant Genetic Resources: Conservation and Use*. CAB International, Wallingford, 320pp.
- CONWAY, W. (1992): Können Technologien zur Arterhaltung beitragen. In: E.O. WILSON (ed.), *Ende der biologischen Vielfalt*. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Berlin, New York, 287-292.
- ESQUIVEL, M. AND K. HAMMER (1988): The "conuco" - an important refuge of Cuban plant genetic resources. *Kulturpflanze* **36**, 451-463.
- EYZAGUIRRE, P. AND M. IWANAGA (eds.) (1996): *Participatory Plant Breeding*. IPGRI, Rome, 164 pp.
- FAO (1996a): *The State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture*. FAO, Rome, 336 pp.

- FAO (1996b): Report on the State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. FAO, Rome, 75 pp.
- FARNSWORTH N.R. AND D.D. SOEJARTO (1985): Potential consequence of plant extinction in the United States on the current and future availability of prescription drugs. *Econ. Bot.* **39**, 231-240.
- FLITNER, M., (1995): Sammler, Räuber und Gelehrte. Die politischen Interessen an pflanzengenetischen Ressourcen 1895-1995. Campus Verlag, Frankfurt, New York, 336 pp.
- FRANKEL, O. AND E. BENNETT (eds) (1970): Genetic Resources in Plants - Their Exploration and Conservation. IBP-Handbook No. **11**, Oxford.
- HAMMER, K. (1991a): Checklists and germplasm collecting. *FAO/IBPGR Plant Genetic Resources Newsl.* **85**, 15-17.
- HAMMER, K. (1991b): Die Nutzung des Materials der Gaterslebener Genbank für die Resistenzzüchtung - eine Übersicht. *Votr. Pflanzenzüchtg.* **19**, 197-206.
- HAMMER, K. (1993): Generosion aus Genbank-Sicht. *Votr. Pflanzenzüchtg.* **25**, 140-148.
- HAMMER, K., H. GÄDE UND H. KNÜPFER (1994): 50 Jahre Genbank Gatersleben - eine Übersicht. *Votr. Pflanzenzüchtung* **27**, 333-383.
- HAMMER, K., H. KNÜPFER, L. XHUVELI AND P. PERRINO (1996): Estimating genetic erosion in landraces - two case studies. *Gen. Res. Crop Evol.* **43**, 329-336.
- HAMMER, K., G. LAGHETTI AND P. PERRINO (1997): Proposal to make the island of Linosa/Italy as a centre for on farm conservation of plant genetic resources. *Gen. Res. Crop Evol.* **44**, 127-135.
- HAMMER, K. AND S. SCHLOSSER (1995): The relationships between agricultural and horticultural crops in Germany and their wild relatives. Report DSE/ATSAF/IPGRI Workshop, Bonn-Röttgen, 74-82.
- HAMMER, K. UND E. WILLNER (1996): Erhaltungsmöglichkeiten genetischer Ressourcen von Futterpflanzen *in situ* und *ex situ*. *Schriften zu Genetischen Ressourcen* **5**, 135-151.
- HAWKES, J.G. (1997): J.G. Hawkes - distinguished economic botanist. Reply to AWARD - 4th July 1996. *Econ. Bot.* **51**, 2-5.
- HEIDE VAN DER, W.M., R. TRIPP AND W.S. DE BOEF (compilers) (1996): Local Crop Development: An Annotated Bibliography. IPGRI, CPRO-DLO, ODI, 153 pp.
- KUCKUCK, H. (1974): Bedeutung der Nutzung, Erhaltung und Weiterentwicklung der natürlichen genetischen Formenmannigfaltigkeit - ein Beitrag zur "grünen Revolution". *Naturw. Rundsch.* **27**, 267-272.
- LUCAS, G. AND H. SYNGE (1996): 33.730 threatened plants. *Plant Talk*, Oct. **96**, 30-32.
- PERRINO, P. AND K. HAMMER (1984): The farro: further information on its cultivation in Italy, utilization and conservation. *Genetic agraria* **38**, 303-311.
- SCHULTZE-MOTEL, J. (Hrsg.) (1986): Rudolf Mansfelds Verzeichnis landwirtschaftlicher und gärtnerischer Kulturpflanzen (ohne Zierpflanzen). 2. Aufl., Akad.-Verl., Berlin. 4 Bd.
- ZEVEN, A.C. (1996): Results of activities to maintain landraces and other material in some European countries *in situ* before 1945 and what we may learn from them. *Gen. Res. Crop Evol.* **43**, 337-341.

Optimierung des Genpoolmanagements in Genbanken - Beispiel Koriander

Optimizing the management of gene pools in genebanks - the example of coriander

AXEL DIEDERICHSEN¹

Zusammenfassung

Ungeachtet der Schwankungen des aktuellen Interesses der Wirtschaft und damit auch der Pflanzenzüchtung haben Genbanken dafür Sorge zu tragen, daß ein möglichst großes Maß an Diversität einer Kulturpflanzenart erhalten bleibt und Interessenten zur Verfügung steht. Systematisch angelegte Vergleichsanbauten von Koriander in Gatersleben zur Charakterisierung und qualitätsanalytische Untersuchungen der Früchte zur Evaluierung ermöglichten es, den Überblick über die Vielfalt der Art zu erweitern. Insgesamt wurden 44 Merkmale an 220 (1994), 237 (1995) bzw. 290 (1996) Sippen erhoben. Das Ordnen der angefallenen Datenflut gestattete den Aufbau eines Systems zur Unterscheidung infraspezifischer Gruppen, wobei an bereits bestehende Systeme angeknüpft werden konnte. Die Auswertung der Daten ließ erkennen, welche Merkmale im taxonomischen Sinne von hohem diagnostischen Wert sind. Das erarbeitete System wurde zur infraspezifischen Gruppierung der Gaterslebener Kollektion angewendet und erleichtert dadurch den Überblick über die Sammlung. Gleichzeitig stellt diese Arbeit eine kontinuierliche Fortentwicklung des Wissens um die Art dar. Der systematisierte Überblick liefert Anbauern und Züchtern wichtige Informationen und strukturiert die Kollektion. Die einzelnen Ergebnisse dieser Arbeit sind an verschiedenen Stellen vorgestellt worden (DIEDERICHSEN 1996, 1997). Im vorliegenden Beitrag werden, ausgehend von diesem Beispiel, einige grundsätzliche Fragen einer solchen Herangehensweise diskutiert.

Summary

Irrespective of the unpredictable economical importance, including the interest of plant breeders, gene banks have the task to conserve the significant diversity of a given cultivated plant species and to keep this diversity accessible. Field trials with *Coriandrum sativum* L. allowed a detailed characterization of the species. Together with an additional evaluation of the content and composition of the essential and fatty oils of the fruits it was possible to enlarge the overview over the range of variation within the species. Altogether 44 characters have been studied in 220 (1994), 237 (1995) and 290 (1996) accessions. The data has been structured and was used to establish an infraspecific grouping. Former

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

classifications could be integrated. It was possible to detect the characters most important for description of the accessions by statistical analysis. The new classification was used to structure the coriander collection of the Gatersleben genebank. Scientists as well as breeders and growers are served by valuable information about the crop, and the use for practical genepool management is essential. The detailed results of this investigation have been published elsewhere (DIEDERICHSEN 1996, 1997). Some more general questions related to such an approach to biodiversity are discussed in this paper.

1 Genpools in Genbanken

Die Erhaltung großer *Ex-situ*-Kollektionen bei Kulturpflanzen ist sehr arbeits- und kostenaufwendig. Die rationelle Gestaltung dieser Arbeit ist deshalb ein zentrales Anliegen, das auch auf internationaler Ebene vorangetrieben wird. Vom International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI) in Rom werden ständig aktualisierte Deskriptorenlisten für Kulturpflanzenarten herausgegeben. Inwieweit diese dann auch in der praktischen Arbeit zur Anwendung kommen, kann hier allerdings nicht beantwortet werden. Neben den verschiedenen Methoden zur Verbesserung der Lagerung ist in diesem Zusammenhang auch die Suche nach Duplikaten wichtig. Die Verständigung innerhalb einer Genbank und zwischen Genbanken ist dabei stark gefordert und inzwischen durch Nutzung moderner Computerkommunikation leichter möglich. Viele logistische Schwierigkeiten beim Umgang mit großen Kollektionen konnten in den letzten Jahren ebenfalls durch den Einsatz von Computern wesentlich erleichtert werden. Die Entwicklung molekularer Methoden zur Erfassung der biologischen Vielfalt mit diesen umweltunabhängigen Merkmalen hat sich in den letzten Jahren überschlagen. Die Publikationen unter ausschließlicher Anwendung dieser Methoden sind im exponentiellen Wachstum begriffen (vergl. AYAD ET AL. 1997). Die Ergebnisse solcher Arbeiten sind jedoch meist nur auf das konkret untersuchte Material zu beziehen und können oft nur noch von wenigen, mit den Methoden vertrauten Wissenschaftlern verstanden werden. Dennoch steigt der Druck auf die Rationalisierung der Genbankarbeiten weiter. Wie ein Hilferuf nimmt sich der Titel einer aktuelleren Arbeit zu diesem Thema aus: „Ertrinken im Genpool,“ (Drowning In The Genepool, VAN HINTUM 1994). Offenbar laufen auch den Wissenschaftlern die großen Kollektionen aus dem Ruder; man verliert die Übersicht, obwohl das Detailwissen enorm zugenommen hat. Die Reduktion auf „Core Collections,“ oder „evolutionäre Ramsche,“ wird propagiert (HODGKIN ET AL. 1995). Politische Umwälzungen haben einige große und wertvolle Sammlungen pflanzengenetischer Ressourcen zusätzlich in erhebliche Not gebracht.

In Rechtfertigungszwang geraten die *Ex-situ* - Kollektionen außerdem durch die Priorisierung der *In-situ* - bzw. *On-farm* - Erhaltung durch die Festlegungen im Übereinkommen über die biologische Vielfalt (BUNDESUMWELTMINISTERIUM 1993).

Die Generosion, d.h. die Einengung der genetischen Vielfalt in Landwirtschaft und Gartenbau andererseits schreitet weiterhin fort und der Einsatz moderner Methoden in der Pflanzenzüchtung wird diesen Prozeß der Vereinheitlichung noch zusätzlich beschleunigen.

Zunehmend etablieren sich engagierte Vereine und Initiativen im Nichtregierungsbereich zur Erhaltung und Entwicklung der biologischen Vielfalt, die dabei auch die Verständigung mit den bestehenden Genbanken des formalen Sektors suchen. Die vorrangige Bedeutung der *In-situ* - / *On-farm* - Erhaltung wird auch vom formalen Sektor erkannt (HAMMER 1992).

Zusammenfassend ergibt sich, daß sich der Personenkreis, der sich für pflanzengenetische Ressourcen interessiert, in den letzten Jahren sehr erweitert hat. Die Interessensphären sind dabei sehr verschiedene. Deutlich ist dabei, wie notwendig und schwierig es ist, sich über die konkrete Sache, nämlich die biologische Vielfalt der Kulturpflanzen, zu verständigen.

2 Das Beispiel Koriander (*Coriandrum sativum* L.)

Der Anbau von Koriander läßt sich geschichtlich bis in die Anfänge der Landwirtschaft zurückverfolgen. Traditionell werden die Blätter, die Wurzeln sowie die Jungpflanzen als Gewürz bzw. Gemüse, die Früchte als Gewürz und seit gut 100 Jahren die Früchte zur Gewinnung des ätherischen Öls und neuerdings des fetten Öls genutzt. Noch in den fünfziger Jahren gab es in Mitteleuropa, besonders in den Niederlanden aber auch in Deutschland, einen umfangreicheren Anbau dieser Fruchtart zur Belieferung der Gewürzindustrie (HEEGER 1956). Billigere Importe haben den Anbau unrentabel gemacht und erst im Zuge der Bemühungen um Alternativkulturen für die Landwirtschaft hat Koriander als nachwachsender Rohstoff seit Mitte der 80er Jahre wiederum mehr Aufmerksamkeit erfahren, die gegenwärtig allerdings im Rückgang begriffen ist.

Die weltweit größte Kollektion von Koriander mit mehr als 600 Mustern wird im Vavilov Institut (VIR) in St. Petersburg erhalten. Die Kollektion in Gatersleben umfaßte 166 Muster im Jahre 1993 und ist im Laufe der Bearbeitung auf über 350 Muster angewachsen, wobei 40 Muster Duplikate aus der Kollektion des VIR darstellen. Weitere Sammlungen von Koriander existieren in den USA und in Indien, wobei die indischen Kollektionen schwer zugänglich sind. Koriander ist ein potentieller Fremdbefruchter; zahlreiche Insektenarten übertragen den Pollen (GLADIS ET AL. 1996). Für den Erhaltungsanbau in einer Genbank ist deshalb die Isolation der in einem Jahr anzubauenden Sippen ein organisatorisches Problem.

Schon 1831 wurde von DE CANDOLLE eine deutliche Unterscheidung von großfrüchtigem (sub- spec. *sativum*) und kleinfrüchtigem (subsp. *microcarpum* DC.) Koriander vorgenommen. Systematische Übersichten über die gesamte Vielfalt der Art mit Beschreibung verschiedener Formengruppen sind von Mitarbeitern des VIR seit 1931 mehrfach veröffentlicht worden (vgl. DIEDERICHSEN 1996). Diese Systeme betonen ganz in VAVILOV'scher Tradition stehend die geographischen Aspekte, aber sie sind leider nie zur Gruppierung einer bestehenden Kollektion angewendet worden. An diesen Projekten waren jedoch die Züchtungsinstitutionen beteiligt, so daß eine effektive Nutzung der in St. Petersburg bzw. Leningrad zusammengetragenen Kollektion stattfinden konnte. Neben diesen Publikationen sind vom VIR in St. Petersburg katalogartige Auflistungen von 129 vorhandenen Mustern herausgegeben worden, die zu jedem Muster in Textform eine Beschreibung der wichtigen Eigenschaften liefern

(GIRENKO 1992, GIRENKO AND CYTOVI_ 1980). Unter züchterischen Gesichtspunkten wurden auch in Indien mehrfach Screenings verschiedener Herkünfte vorgenommen (BHANDARI AND GUPTA 1991), die sich mit dem Ergebnis der Identifikation interessanter Ausgangslinien begnügen, und deshalb nicht auf andere Kollektionen übertragen werden können.

Eine umfangreiche infraspezifische Gruppierung des Korianders in neun unterscheidbare Gruppen wurde schließlich im Jahre 1990 veröffentlicht (IVANOVA AND STOLETOVA 1990). Diese Arbeit beruht auf den Studien von E. A. STOLETOVA bis 1945 und K. V. IVANOVA bis 1965 und wurde von M. M. GIRENKO zusammengestellt. Diese Arbeit enthält einen dichotomen Schlüssel zur Bestimmung der infraspezifischen Taxa, so daß der Leser in die Lage versetzt wird, ihm selbst vorliegendes Material anhand des Schlüssels zu klassifizieren. Zusätzlich wurden für die meisten benannten Gruppen charakteristische Akzessionen aus der lebenden Kollektion des VIR benannt und jeweils ein Herbarbeleg aus dem Herbarium am VIR in St. Petersburg als Typus angeführt. Es wurden also weitgehend die Regeln des International Code of Botanical Nomenclature (ICBNC, GREUTER 1994), die auch bei der formal korrekten Vergabe von Namen für Spezies verbindlich sind, angewendet. Ein großer Vorteil dieses klassischen Vorgehens besteht darin, daß jeder nachfolgende Bearbeiter in der Lage ist, anhand der Typusbelege und darüber hinaus anhand der verfügbaren lebenden Muster aus der Kollektion des VIR die vorgeschlagene Einteilung zu überprüfen. In die Sprache eines Pflanzenzüchters übersetzt sind praktisch Standardsorten oder Verrechnungssorten benannt und als Herbarbeleg oder als Saatgut verfügbar. Durch diese bereits seit VAVILOV etablierte Methode ist dasjenige, was FRANKEL als Core Collection definierte und neuerdings von VAN HINTUM aufgegriffen wurde, schon vorweggenommen.

Leider ist jedoch auch das System von IVANOVA AND STOLETOVA (1990) nicht zur Gruppierung der übrigen Kollektion des VIR zur Anwendung gekommen. Formale Schwachpunkte der Gruppierung bestanden darin, daß (1) das bereits etablierte Taxon „*subsp. microcarpum* DC.“, nicht verwendet bzw. nicht als Synonym aufgeführt wurde und (2) die Typisierung und Benennung lebender Muster nicht konsequent durchgeführt wurde. Eine Überarbeitung schien auch deshalb notwendig, weil morphologische Formen des Korianders in der Gaterslebener Kollektion vorhanden waren, die eine Erweiterung des Systems erforderten. Außerdem bestand die Möglichkeit, in Zusammenarbeit mit dem Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Universität Göttingen eine quantitative und qualitative Analyse der wertgebenden Inhaltsstoffe der Früchte vorzunehmen, so daß die Ergebnisse dieser Evaluierung mit in ein überarbeitetes System einbezogen werden konnten.

2.1 Bearbeitung des Korianders in Gatersleben

Seit Bestehen der Genbank in Gatersleben werden Charakterisierungsdaten an den zur Reproduktion angebauten Mustern erhoben und in Feldbüchern oder auf Boniturbüchern festgehalten. Folgende Merkmale werden auf diese Weise seit 1950 an den Anbauparzellen erfaßt:

- Tage (von der Aussaat) bis zum Feldaufgang,
- Tage bis zur Vollblüte,
- Pflanzenlänge (cm),
- Tage bis zur Ernte,
- Tausendfruchtmasse (TFM) (g).

Die erhobenen Daten wurden für eine Einteilung in die genannten zwei infraspezifischen Gruppen verwendet:

1. *Coriandrum sativum* L. var. *sativum*: Tausendfruchtmasse größer als 10 g, Fruchtdurchmesser größer als 3 mm.
2. *Coriandrum sativum* L. var. *microcarpum* DC.: Tausendfruchtmasse kleiner als 10 g, Fruchtdurchmesser selten mehr als 3 mm.

Von den 166 Koriandermustern, für die bis Ende 1993 Charakterisierungsdaten vorlagen, gehörten 50 Muster zur var. *sativum* und 116 zur var. *microcarpum*. Eine konsequente Anwendung dieses Systems gestattete also schon eine deutliche Einteilung der Kollektion in zwei Hauptgruppen. Die genannten, seit 1950 erfaßten und in Feldbüchern vorliegenden Charakterisierungsdaten wurden benutzt, um anhand einer statistischen Auswertung erste Aussagen zur Variabilität innerhalb der Gaterslebener Kollektion und zur Heritabilität der betrachteten Merkmale zu machen (DIEDERICHSEN UND HAMMER 1994).

Während bis Mitte der siebziger Jahre das Intervall zwischen zwei Reproduktionszyklen etwa drei Jahre betrug, konnte diese Dauer inzwischen auf etwa 20 Jahre ausgedehnt werden. Mitte der siebziger Jahre wurde ein Samenkühlagerhaus errichtet und seitdem findet die Lagerung der luftgetrockneten Früchte bei einer Temperatur von -15 °C statt. Das hat den Vorteil, daß die stets mit Unsicherheiten behaftete Vermehrung in größeren Zeitabständen durchgeführt werden kann, bringt allerdings auch mit sich, daß die Daten, die während eines Reproduktionszyklus an einem Muster erfaßt werden, nur noch in großen Abständen anfallen und damit die durchgeführte Charakterisierung der neueren Muster auf weniger Anbaujahren beruht. Aus diesem Grunde lagen bei Beginn dieser Arbeit im Herbst 1993 von dem ältesten noch vorhandenen Muster der Kollektion (CORI 3) Charakterisierungsdaten aus 10 Anbaujahren vor, während es von den meisten Mustern, die nach 1975 in die Kollektion aufgenommen wurden, Charakterisierungsdaten nur noch aus drei oder weniger Anbaujahren gab.

Ein wichtiges Instrument für die kontrollierte Erhaltung sowie für die Bearbeitung pflanzengenetischer Ressourcen ist die Anlage einer Referenzsammlung. Bei allen Neuzugängen wurden während des ersten

Anbaus mehrere Jungpflanzen unmittelbar vor dem Beginn des Streckungswachstums der Primärachse und wenigstens zwei Pflanzen während der Vollblüte, d.h. mit schon erkennbarem Fruchtansatz, herbarisiert. Die Herbarbögen sind in der Abteilung Taxonomie des IPK archiviert. Außerdem werden von den Neuzugängen reife Früchte in gesonderten Glasröhrchen aufbewahrt. Der Zweck der herbarisierten Pflanzen sowie der Früchte besteht darin, ständig für jedes Musters authentisches Vergleichsmaterial zur Verfügung zu haben.

Die Sammlungsmuster werden auf diese Weise durch Herbarbelege und Früchte in der Form dokumentiert, wie sie Eingang in die Kollektion fanden. Spätere technische Vermischungen, Verwechslungen oder auch genetische Aufspaltungen können durch Vergleich mit dem Referenzbeleg des Musters erkannt werden. Im Laufe der vorliegenden Arbeit mit Koriander zeigte sich der hohe diagnostische Wert der Basalblätter für die Klassifikation des Korianders, und das Herbarium wurde dementsprechend durch Basalblätter von allen Mustern ergänzt, wobei jeweils das längste vorhandene Basalblatt bei Blühbeginn als Standard genommen wurde. Diese Ergänzung steigert den Wert des Herbariums als Referenzsammlung für die Genbank.

2.2 Zielstellung und wesentliche Ergebnisse der experimentellen Arbeit

Hauptsächliches Ziel des dreijährigen Feldanbaus war die Erfassung der Variabilität der Art. Durch statistische Methoden sollte abgesichert werden, welche der insgesamt 44 erhobenen Merkmale eine geringe Umweltabhängigkeit der Ausprägung besitzen.

Bei Verwendung der Merkmale für die Gruppierung wurde jedoch nicht allein eine hohe Heritabilität berücksichtigt, sondern es wurde auch darauf geachtet, daß die Merkmale an den Pflanzen leicht zu erfassen sind. Durch diese Gewichtung ist sichergestellt, daß die Gruppierung von anderen ohne technischen Aufwand weitgehend nachvollzogen werden kann. Korrelative Zusammenhänge zwischen den morphologischen und chemischen Merkmalen, die deutlich erkennbar waren, wurden in dieser Hinsicht ausgenutzt. Erst bei der Feingliederung sind die nur analytisch zu bestimmenden Evaluierungsdaten zur Unterscheidung der Gruppen notwendig. Im Ergebnis konnte so eine zweistufige infraspezifische Klassifikation begründet werden. Es werden dabei drei Subspezies unterschieden, die insgesamt neun Gruppen des Korianders umfassen. Bei 192 Mustern lagen die Datensätze aus den drei Beobachtungsjahren komplett vor, so daß deren Zuordnung mit großer Sicherheit vorgenommen werden konnte. Die Verteilung ist dabei folgende:

Coriandrum sativum L.

- 1 subsp. *sativum*
 - 1.1 **Europäische Gruppe** (18 Muster)
 - 1.2 **Nordafrikanische Gruppe** (27 Muster)
- 2 subsp. *microcarpum* DC.
 - 2.1 **Kaukasische Gruppe** (99 Muster)
 - 2.2 **Mittelasiatische Gruppe** (9 Muster)
 - 2.3 **Syrische Gruppe** (7 Muster)
 - 2.4 **Äthiopische Gruppe** (3 Muster)
- 3 subsp. *indicum* Stolet.
 - 3.1 **Indische Gruppe** (9 Muster)
 - 3.2 **Bhutanische Gruppe** (8 Muster)
 - 3.3 **Omanische Gruppe** (12 Muster)

Bei dieser Klassifikation wurde die formale Klassifikation in Subspezies mit einer weitergehenden, informalen Gliederung in Gruppen kombiniert. Eine formale Benennung der Gruppen mit einer entsprechenden Publikation steht noch aus. Ein dichotomer Schlüssel zur sicheren Bestimmung der Gruppen wurde erarbeitet und für alle benannten Gruppen sind Muster der Kollektion in Gatersleben und Herbarbelege in Gatersleben bezeichnet worden (DIEDERICHSEN 1997). Auf die Duplikate in St. Petersburg wurde jeweils auch verwiesen. Eine Nachvollziehbarkeit dieser Einteilung ist so ermöglicht.

Hohe Erblichkeiten und damit hohen diagnostischen Wert haben die an den vegetativen Pflanzenteilen bestimmten Merkmale Anzahl der Basalblätter, Form der Basalblätter und die Beblätterung der Pflanze insgesamt. Von den an den generativen Pflanzenteilen bestimmten Merkmalen sind die Fruchtgröße, bestimmt als Tausendfruchtmasse, und die Form der Früchte wichtige Merkmale. Zur sicheren Unterscheidung von drei Subspezies des Korianders (subsp. *sativum*, subsp. *microcarpum* DC., subsp. *indicum* Stolet.) sind diese Merkmale hinreichend. Durch die Unterschiede im Gehalt des ätherischen Öls (und dessen Zusammensetzung) wird die Einteilung in die Subspezies bestätigt.

Innerhalb der Subspezies lassen sich Gruppen morphologisch unterscheiden, die sich in bestimmten geographischen Regionen herausgebildet haben, wobei gleichartige Formen, die entweder die vegetative Entwicklung oder die schnelle Bildung meist großer Früchte als Hauptcharakteristik zeigen, unabhängig voneinander selektiert wurden. Die subsp. *sativum* umfaßt die an mitteleuropäische Klimabedingungen am besten angepaßten Formen und großfrüchtige, gering beblätterte Herkünfte aus dem mediterranen Raum und Vorderasien. Zu den schwerpunktmäßig aus dem Kaukasus kommenden Herkünften der subsp. *microcarpum* DC. gehören alle Muster mit den höchsten Gehalten an ätherischem Öl. Die subsp. *indicum* Stolet. umfaßt drei Gruppen aus Indien, Bhutan und Oman, die durch geringe Gehalte an ätherischem Öl mit geringen Anteilen von Campher, Myrcen und Limonen gekennzeichnet sind. Wegen des äußerst geringen Gehalts an ätherischem Öl und der Bildung großer basaler Blattrosetten sind einige Herkünfte aus Syrien als besonderer Morphotyp und Chemotyp zu bezeichnen. Eine charakteristische Gruppe läßt sich für Äthiopien unterscheiden, wobei nur vor 1930 von N.I. VAVILOV gesammelte

Muster zur Verfügung standen und nicht bekannt ist, ob diese Formen noch kultiviert werden. In Mittelasien finden sich besonders blattreiche Formen des Korianders, die für dessen Nutzung und Züchtung als Gemüsepflanze besonders geeignet sind. Vergleiche mit Literaturangaben und Herbarmaterial lassen bisher ungenügend beschriebene Formen des Korianders im Mittleren Osten erwarten, die Übergangsformen zwischen den Subspezies darstellen.

Im Gegensatz zu wichtigen Kulturpflanzen wie den Getreiden, haben der Saatgutaustausch über große Distanzen und die genetische Vermischung durch Verkreuzung bei Koriander bisher nur eine geringe Bedeutung gehabt, so daß die infraspezifischen Gruppen sich oft auf geographische Großräume beziehen lassen. Aus den Beobachtungen lassen sich Entwicklungswege der Domestikation von Koriander und konkrete Hinweise sowohl für den Anbau als auch die Züchtung von Koriander ableiten.

2.3 Konsequenzen für die weitere Bearbeitung der Kollektion von Koriander

Aus dieser Arbeit ergeben sich für die praktische Handhabung der Kollektion von Koriander Hinweise, die sich auf andere fremdbefruchtende Kulturpflanzenarten übertragen lassen.

- Der Erhaltungsanbau der bestehenden Kollektion und der eingehenden Neuzugänge muß an Isolationsstandorten stattfinden. An diesen Parzellen können nur einige wichtige Merkmale zur Charakterisierung erfaßt werden, die beim Koriander jedoch bereits eine sichere Bestimmung auf dem Niveau der Subspezies gestatten.
- Wenn die Anzahl der bereits erstmalig in Gatersleben vermehrten Neuzugänge einen Umfang von etwa 30 Mustern erreicht hat, sollte ein systematischer Vergleichsanbau dieser Muster erfolgen. Dies wird nur in Abständen von 5-10 Jahren notwendig sein. Bei der Versuchsanlage werden die in der Arbeit von DIEDERICHSEN (1997) jeweils benannten typischen Muster des Korianders für die drei bestimmten Subspezies bzw. die neun infraspezifischen Gruppen als Standards mit eingeplant. Bei diesem Vergleichsanbau werden alle relevanten Merkmale an den Sippen erfaßt, auch die Bonituren können sicher durchgeführt werden. An den Früchten müssen der Gehalt und die Zusammensetzung des ätherischen Öls bestimmt werden.
- Die im Vergleichsanbau erhobenen Daten bilden die Grundlage für eine Einordnung der Neuzugänge in das infraspezifische System des Korianders. Die detaillierte infraspezifische Bestimmung der Akzessionen wird in die Paßportdaten aufgenommen, so daß auf indirektem Weg aus den Paßportdaten bereits ein Maximum an Informationen zur Charakteristik der Sippe gewonnen werden kann. Die Daten werden außerdem der bestehenden Datenbank mit Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten für Koriander zugefügt, um Nutzern die gezielte Suche auf Ebene einzelner Merkmale zu ermöglichen.

3 Intraspezifische Klassifikation als Hilfsmittel zur Erhaltung der biologischen Vielfalt

Wenn der Umgang mit pflanzengenetischen Ressourcen rationell gehandhabt werden soll, ist die Kenntnis der eingelagerten Pflanzen elementar notwendig. Erschreckend ist deshalb, wenn die FAO im Jahre 1996 immer noch feststellen muß, daß, selbst was die Charakterisierung angeht, noch 80-95% der weltweit in Genbanken eingelagerten Pflanzensippen nicht einmal in den elementarsten Eigenschaften charakterisiert sind (FAO 1996). Unterdessen hat der wissenschaftliche Fortschritt mit den molekularen Methoden ein Instrument geschaffen, um genetische Unterschiede mit maximaler Auflösung entdecken zu können. Es klafft hier offenbar eine große Lücke zwischen dem vordringlich Notwendigen und dem technisch Möglichen. Eine intraspezifische Klassifikation, wie sie hier vorgestellt wurde, basiert zunächst auf unmittelbar an den Pflanzen wahrnehmbaren Merkmalen. Das ermöglicht das Anknüpfen an historische Arbeiten und liefert dabei unmittelbar für Anbau und Züchtung relevante Informationen. Die klassische morphologische Einteilung wurde durch chemotaxonomische Elemente differenziert. Es ergeben sich gleichzeitig spezielle Fragen, zu deren Beantwortung molekulare Methoden herangezogen werden müßten, die einen weiteren Schritt zum Verständnis der Art liefern könnten.

Eine Auswahl von Mustern, die einen Querschnitt durch die verfügbare Vielfalt der Art bilden, kann unter Zuhilfenahme der vorgeschlagenen Klassifikation schnell und flexibel zusammengestellt werden. Das klassische taxonomische Verfahren der Benennung von typischen Mustern für die jeweiligen intraspezifischen Gruppen, die in diesem Fall jedoch gleichzeitig lebende Muster der Kollektion sind, stellt eine Vorwegnahme eines Prinzips dar, das neuerdings unter der Bezeichnung „Core-Collection“, wesentlich mehr Aufmerksamkeit erregt.

Da die Klassifikation im ersten Schritt auf einfach bestimmbareren Merkmalen beruht, die allerdings mit anderen Merkmalen korrelativ verknüpft sind, sind Anwender des Systems in der Lage, ihnen vorliegende Pflanzen ohne großen Aufwand sehr gut zu charakterisieren. Die Einhaltung der formalen Regeln bei der Vergabe von Namen auch auf intraspezifischem Niveau gibt dem System eine Verbindlichkeit, die gleichzeitig vor Willkür und Sprachverwirrung schützt.

Die Anwendung der klassischen Regeln für die Vergabe botanischer Namen, die dann in kondensierter Form die Einzelinformationen zusammenfassen, schließt nicht aus, daß neuere Ergebnisse mit in das intraspezifische System einfließen. Diese Herangehensweise bedeutet einen Versuch in Richtung auf eine ganzheitliche Betrachtung der ansonsten isoliert vorliegenden Einzelbeobachtungen. Ähnliche Bearbeitungen anderer Fruchtarten sind in Gatersleben vielfach durchgeführt worden (vergl. Übersicht bei HAMMER ET AL. 1994). Das konkrete Beispiel des Korianders bestätigt den großen Nutzen der Taxonomie als Hilfsmittel zum Umgang mit genetischen Ressourcen (HANELT 1988), was in krassem Widerspruch zu den Aussagen anderer Taxonomen steht (HETTERSCHIED UND BRANDENBURG 1995), die ihre verallgemeinerten Aussagen auf Beobachtungen an Tulpen stützen.

Trotz der heute verbreiteten Geringschätzung infraspezifischer Klassifikationen bietet deren Anwendung die Möglichkeit, daß alle an pflanzen genetischen Ressourcen Interessierten verständliche und wesentliche Informationen aus solchen Systemen ziehen können. Die Beständigkeit der Methoden garantiert Nachvollziehbarkeit, Übertragbarkeit und Dauer solcher Systeme. Die Einbeziehung neuerer Ergebnisse in diese Systeme ist möglich und notwendig. Auf diese Weise komplettiert sich das Wissen über eine Art und große Kollektionen werden durchschaubarer.

4 Literatur

- AYAD, W. G., T. HODGKIN, A. JARADAT AND V. R. RAO (eds) (1997): Molecular genetic techniques for plant genetic resources. Report of an IPGRI Workshop. Rome.
- BHANDARI, M. M. AND A. GUPTA (1991): Variation and association analysis in coriander *Euphytica* **58**, 1-4.
- BUNDESUMWELTMINISTERIUM (1993): Das Übereinkommen über die biologische Vielfalt. Bonn.
- DIEDERICHSEN, A. (1996): Coriander. In: J. HELLER, J. ENGELS UND K. HAMMER (eds): Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. Vol. 3, International Plant Genetic Resources Institute, Rome.
- DIEDERICHSEN, A. (1997): Charakterisierung und Evaluierung von Koriander (*Coriandrum sativum* L.) und taxonomische Implikationen. Schriften zu Genetischen Ressourcen **6**.
- DIEDERICHSEN, A. UND K. HAMMER (1994): Vielfalt von Koriander im Weltsortiment der Genbank Gatersleben. Drogenreport **7** (11), 13-17.
- FAO (1996): Report on the State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. FAO, Rome.
- GIRENKO, M. M. AND K. I. CYTOVI_ (1980): Coriander *Coriandrum sativum* L. (Russ.). In: Katalog mirovoj kollekcii VIR, vypusk 287, vidovoe raznoobrazie zel Nnych ovoš_nych kul'tur. Ed.: D. D. BREŠNEV. Leningrad : VIR pp. 121-152.
- GIRENKO, M. M. (1992): Coriander. (Russ.). In: Katalog mirovoj kollekcii VIR, vypusk 642, vidovoe raznoobrazie zel Nnych ovoš_nych kul'tur (Koriandr, reven'). Ed.: M. M. GIRENKO VIR, St. Petersburg pp. 4-37.
- GLADIS, TH., O. DIAGNE, M. SPAHILLARI AND K. HAMMER (1996): Reproduction of Medicinal and aromatic plants in the Gatersleben Genebank. Beiträge zur Züchtungsforschung **2**, 25-28.
- GREUTER, W. (ed.) (1994): International Code of Botanical Nomenclature (Tokyo Code) Koeltz, Königstein.
- HAMMER, K. (1992): Generosion aus Genbank-Sicht. Votr. Pflanzenzüchtg. **25**, 140-148.
- HAMMER, K., H. GÄDE UND H. KNÜPFER (1994): 50 Jahre Genbank Gatersleben eine Übersicht. Votr. Pflanzenzüchtg. **27**, 333-383.
- HANELT, P. (1988): Taxonomy as a tool for studying plant genetic resources. Kulturpflanze **36**, 169-187.
- HEEGER, E. F. (1956): Handbuch des Arznei- und Gewürzpflanzenbaues. S. 361-366, Deutscher Bauernverlag, Berlin.

- HETTERSCHIED, W. L. A. AND W. A. BRANDENBURG (1995): Culton versus taxon: conceptual issues in cultivated plant systematics. *Taxon* **44**, 161-175
- HINTUM, TH. J. L. VAN (1994): Drowning In The Genepool, Managing Genetic Diversity in Genebank Collections. The Swedish University of Agricultural Sciences, Svalöv.
- HODGKIN, T., A. H. D. BROWN, TH. J. L. VAN HINTUM AND E. A. V. MORALES (eds) (1995): Core Collections of Plant Genetic Resources. John Wiley und Sons., Chister, New York, Brisbane, Singapore.
- IVANOVA, K. V. UND E. A. STOLETOVA (1990): Istorija kul'tury i vnutrividovaja klassifikacija koriandra posevnogo (*Coriandrum sativum* L.) [The history of culture and intraspecific taxonomy of *Coriandrum sativum* L.]. (Russ., Engl. abstr.). *Sb. naučn. tr. prikl. bot., gen. i sel.* **133**, 26-40.

Praktisches Genpoolmanagement bei einem Fremdbefruchter - Zuckerrüben und verwandte Wildarten

Practical genepool mangement of a cross pollinator - Sugar beets and related wild varieties

LOTHAR FRESE¹

Zusammenfassung

Dieser Beitrag beschreibt Aspekte des Genpoolmanagements bei Zuckerrüben (*Beta vulgaris*) und verwandter Wildarten. Die gegenwärtig allgemein akzeptierte Taxonomie der Gattung wird dargestellt. Für die Sicherung genetischer Ressourcen der Gattung *Beta* sind Kenntnisse über die geographische Verbreitung der Arten und Formen sowie über die Strukturen genetischer Diversität der Gattung notwendig. In der Literatur beschriebene Hypothesen zur Evolution und Domestikation werden ebenso erörtert wie neuere Erkenntnisse zur Phylogenie und zur genetischen Diversität, die durch Analyse der Variation von Isoenzymen oder Anwendung molekularer Methoden gewonnen wurden. Durch Vertiefung dieser Kenntnisse kann die Grundlage zur Entwicklung eines effizienteren Genpoolmanagements geschaffen werden. Zum Schluß befaßt sich der Beitrag mit der internationalen Zusammenarbeit zur Sicherung und Nutzbarmachung genetischer Ressourcen der Gattung. Die Erhaltung und Nutzung des Genpools wird von allen Interessensgruppen in Europa, in Asien und in den USA als eine Gemeinschaftsaufgabe verstanden, zu der jeder im Rahmen seiner Möglichkeiten beiträgt.

Summary

This contribution describes gene pool management aspects in sugar beets (*Beta vulgaris*) and related wild species. The currently accepted taxonomy of the genus is described. To safeguard genetic resources of the genus *Beta*, knowledge on the geographic distribution of species and types as well as knowledge on the structure of genetic diversity of the genus is needed. Hypotheses on the evolution and domestication are equally discussed as are newer insights into the phylogeny and genetic diversity that have been gained by analysis of isozyme variation or through application of molecular methods. Extension of such knowledge will generate the basis required for the development of a more efficient gene pool management. Finally, the paper deals with the international cooperation in the field of safeguarding and utilisation of the genus. All concerned parties in Europe, Asia and the USA consider

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

the maintenance and use of the gene pool as a common task to which each member contributes within the limits of their capabilities.

1 Einleitung

Die Zuckerrübe (*Beta vulgaris subsp. vulgaris*) ist eine der wenigen in Europa heimischen Kulturpflanzen mit einer großen wirtschaftlichen Bedeutung vor allem in der nördlichen Hemisphäre. Das Diversitäts- und Domestikationszentrum der Gattung *Beta* liegt in Europa. Die europäischen Länder besitzen somit eine besondere Verantwortung für die Erhaltung der Wild- und Kulturrüben. Auch deshalb beschloß das deutsch-niederländische Kuratorium für pflanzengenetische Ressourcen im Jahre 1986 den Aufbau eines Programmes mit dem Ziel des gemeinsamen Managements von Sammlungsbeständen der Gattung *Beta* in Deutschland und in den Niederlanden. Auf dieser Grundlage entwickelte sich ein Netzwerk von 28 dezentral gelagerten Sammlungen mit einer zentralen Koordinierung im Rahmen des Welt *Beta* Netzwerkes (WBN) (FRESE 1990). Die Aufgabe der Partnergenbanken besteht in der Sicherung ihrer Teilbestände. Hiermit leisten sie einen Beitrag zur Erhaltung der gesamten genetischen Diversität des Genpools (= Gattung *Beta*). Zur sachgerechten Erledigung dieser Aufgabe sind vor allem Kenntnisse über die Strukturen genetischer Diversität notwendig, die mit Hilfe der Taxonomie, Pflanzengeographie, Evolutions- und Domestikationsgeschichte beschrieben werden können.

2 Entstehung und Struktur genetischer Diversität

2.1 Taxonomie

Die Gattung *Beta* besteht aus 4 Sektionen (*Beta* = Synonym für *Vulgares*, *Corollinae*, *Nanae* und *Procumbentes* = Synonym für *Patellares*) (BUTTLER 1977). In der Sektion *Beta* unterschied LETSCHERT (1993) 3 Arten und 3 Unterarten und klassifizierte alle Kulturformen als *B. vulgaris subsp. vulgaris*. Nach der heute akzeptierten Regelung besteht die Kulturart *Beta vulgaris subsp. vulgaris* aus 4 Kulturformengruppen (cultivar-groups), d.h. Blattrüben, Gartenrüben, Futterrüben und Zuckerrüben (LANGE ET AL. 1998 in press).

Die Sektion *Corollinae* enthält 3 Basisarten und 2 Hybridsippen. Die Sektion *Nanae* ist monotypisch. Für die Sektion *Procumbentes* handhabt man gegenwärtig 3 Arten (BUTTLER 1977, LETSCHERT 1993). Die neue Nomenklatur ist international weitgehend akzeptiert. Sie spiegelt die verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen Arten besser wider als das alte System. Darüber hinaus verzichtet man insbesondere bei Taxa mit großer, kontinuierlicher Variation (*subsp. maritima*, *subsp. vulgaris*) auf eine weitere, formale Unterteilung, die vorher sehr zur Konfusion beigetragen hatte. Im Verlauf der letzten 10 Jahre ist es zur Konsolidierung und Vereinfachung

der Taxonomie gekommen. Hierzu hat maßgeblich die Auswahl einer größeren, geographisch repräsentativen Stichprobe von Herkünften aus dem Weltbestand mit Hilfe der Internationalen Datenbank für *Beta* (IDBB) beigetragen.

2.2 Verbreitungsareal

Übersichtskarten von Fundorten einzelner Herkünfte findet man bei FRESE (1992). Die Wildformen der Gattung *Beta* besiedeln ein Verbreitungsgebiet von der Südspitze Schwedens über Dänemark, Irland, England und die westatlantische Küste bis hin zu den Kapverdischen Inseln. In westöstlicher Richtung dehnt sich das Areal von den Kanarischen Inseln, über den gesamten Mittelmeerraum, die Balkanländer, die Kaukasusregion und Vorderasien bis nach Bangla Desh aus. Das Diversitätszentrum der Wildarten liegt in der Türkei und im östlichen Mittelmeerraum. *B. vulgaris* subsp. *adanensis* ist in der Nähe von Adana (Südosttürkei), Zypern und auf nahe gelegenen griechischen Inseln wie Rhodos, Kos u.a. zu finden. *B. macrocarpa* besitzt zwei Verbreitungsareale im Osten (griechische Inseln und Israel) und im Westen (Südostspanien bis Südportugal, Teile der nordwestafrikanischen Küste). Das Verbreitungsgebiet von Landrassen der Blatt-, Garten- und Futterrüben umfaßt darüber hinaus große Teile West- und Ostasiens. Vor allem in Ostanatolien überschneiden sich die Verbreitungsareale der drei *Corollinae*-Basisarten (Buttler, 1977). Das kleine Areal der Sektion *Nanae* ist auf die Gebirgsregionen (Olympus, Parnassos u.a.) begrenzt. Die Arten der Sektion *Procumbentes* kommen vorwiegend auf den Kanarischen Inseln, an der nordwestafrikanischen und südostspanischen Küste vor.

2.3 Evolution der Gattung

Kenntnisse über die Evolution und Phylogenie einer Gattung können Hinweise auf a) die Entwicklungsgeschichte von Arten, b) deren verwandtschaftliche Beziehungen und c) die wahrscheinlichen Zentren der Artenentstehung geben. Nach BURENIN UND GAVRYLYNK (1982) und ZOSIMOVICH (1968), (zit. in: BURENIN UND GAVRILYNK 1982) entwickelte sich die Gattung *Beta* aus der hypothetischen Ausgangsform 'Protobeta'. Die Ausgangsform wuchs in der Region des prähistorischen Ozeans Tetis. Die südliche Ausdehnung der Eiszeit veränderte das tropisch-subtropische Klima des Eocäns zum warm bis kühl temperierten Klima des Pliozäns (VAN DEN HEUVEL 1974). Das nördliche Vordringen der Wüsten in der heutigen Sahara und die Abkühlung des Klimas im Norden verursachte die Auslöschung vieler Arten. Damit verwandte Reliktarten findet man in Europa nur noch in Südspanien, Westportugal und auf den Kanarischen Inseln und Madeira. Diese Regionen waren durch den Einfluß des Atlantischen Ozeans vor stärkeren Klimaveränderungen verschont geblieben und eigneten sich als Rückzugsgebiete der Tetis-Flora. Geologische und ozeanographische Untersuchungen legen nahe, daß die Inseln Lanzarote und Fuerteventura durch die Kontinentaldrift von Nordafrika abgespalten wurden (BRAMWELL UND BRAMWELL 1984). Hierdurch wurde die Tetis-Flora, zu der vermutlich Prototypen der Sektion *Procumbentes* gehörten, einerseits von der Auslöschung bewahrt,

andererseits jedoch geographisch stark isoliert und in ein durch Artenarmut gekennzeichnetes evolutionäres Endstadium überführt.

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 in Küstennähe aus. Die phylogenetische Stellung der Hochgebirgsart *B. nana*, die der Sektion *Corollinae* eher nahesteht, ist nicht geklärt. Die offensichtlich erfolgreichste Form der Gattung *Beta*, *B. vulgaris subsp. maritima*, besiedelte nach und nach ein ausgedehntes Gebiet. Innerhalb dieser Art gehören Populationen des atlantischen Areals zu den phylogenetisch jüngsten Formen, da die atlantische Küste und der östliche Teil Dänemarks erst gegen Ende der letzten Eiszeit im Alluvium (STRASBURGER 1979) erobert werden konnte. Mit der Besiedlung der atlantischen Küsten war die Entwicklung zweijähriger, frosttoleranter Formen notwendig, um nur einige der Merkmalsunterschiede zwischen mediterranen und atlantischen Formen zu nennen.

Die Ergebnisse molekularer Analysen des Genoms unterstützen einige der Annahmen russischer Forscher. FRITZSCHE ET AL. (1987) und JUNG ET AL. (1993) bestätigten vorläufig die Einteilung der Gattung in 4 Sektionen. Noch nicht völlig geklärt ist allerdings die Stellung der Sektion *Procumbentes*. Die Homologie der Genome der Sektionen *Procumbentes* und *Beta* ist mit 34% Übereinstimmung ausgesprochen gering (JUNG ET AL. 1993). Die Behandlung der Sektion *Procumbentes* als Gattung *Patellifolia* (SCOTT ET AL. 1977) fand jedoch bislang keine Unterstützung. SCHMIDT ET AL. (1991) analysierten Satelliten-DNA der 4 Sektionen. Der EcoRI Satellit wurde in den drei Sektionen *Beta*, *Corollinae* und *Nanae*, nicht jedoch in der Sektion *Procumbentes* gefunden. Die Autoren vermuten, daß der EcoRI Satellit zunächst im gemeinsamen Vorfahr der Gattung *Beta* vorhanden war und im Verlauf der weiteren Evolution in der Sektion *Procumbentes* verloren ging. Dagegen tritt eine junge DNA-Sequenz, der BamHI Satellit, nur in der Sektion *Beta* auf. Die BamHI Sequenz wurde erst nach der Trennung der Sektion *Beta* von der Sektion *Corollinae* in der Sektion *Beta* vervielfältigt. Interessanterweise untersuchten SCHMIDT ET AL. (1991) überwiegend atlantisches Wildrübenmaterial, das aufgrund der Erdgeschichte auch innerhalb der Sektion entwicklungsgeschichtlich jung sein muß. Der älteste Teil der Gattung ist demnach die Sektion *Procumbentes*, gefolgt von den Sektionen *Corollinae/Nanae* sowie der Sektion *Beta*.

2.4 Differenzierung der Arten

Die weitere Ausdifferenzierung der Sektionen läßt sich folgendermaßen beschreiben: Von den drei Arten der Sektion *Procumbentes* (*B. procumbens*, *B. webbiana* und *B. patellaris*) sind die diploiden, selbstkompatiblen Formen *B. procumbens* und *B. webbiana* offensichtlich sehr nahe verwandt und womöglich nur morphologische Varianten der gleichen Art. Die tetraploide, selbstinkompatible *B. patellaris* ist davon deutlich unterschieden (BAROCKA 1959; WAGNER ET AL. 1989, MITA ET AL. 1991, BRUUNS ET AL. 1995). Aufgrund des schwer zu beschaffenden und zu kultivierenden Pflanzenmaterials der Sektion *Nanae* gibt es fast keine neueren Untersuchungen über diese griechische Gebirgsart. NAGAMINE UND FORD-LLOYD (1989) beschrieben 5 Isoenzyme, die für *B. nana* spezifisch sind und fixiert auftreten. Die Phylogenie und Verwandtschaft der *Corollinae*-Arten ist noch nicht geklärt. *B. corolliflora* und *B. macorhiza* besitzen eine gewisse morphologische Übereinstimmung mit zweijährigen Formen der Sektion *Beta*. Nach BURENIN UND GAVRILYNK (1982) ist die diploide, fremdbefruchtende *B. macorhiza* die Brückenart zwischen Sektion *Beta* und *Corollinae*. BUTTLER (1977) äußert sich vorsichtiger und spricht von Entwicklungslinien innerhalb der Sektion mit den einander nahestehenden Arten *B. macorhiza* (diploid) und *B. corolliflora* (tetraploid) sowie einer zweiten, an trockene und heiße Standorte angepaßten und morphologisch divergenten *B. lomatogona* (diploid oder tetraploid). Die hexaploide und 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.

BUTTLER (1977) vermutete die Existenz von zwei getrennten Formenkreisen der Art *B. macorhiza* in Ostanatolien und in Daghestan. Tatsächlich konnten REAMON-BÜTTNER ET AL. (1996) mit Hilfe von Isoenzym- und RAPD-Analysen Unterschiede zwischen Populationen aus diesen Herkunftsregionen feststellen. Allerdings beschrieben ihre Auswertungen *B. lomatogona* als entwicklungsgeschichtlich ältere Form, aus der *B. macorhiza* und *B. corolliflora* entstanden sein könnten. Dies steht im Gegensatz zu den Annahmen von BUTTLER (1977) und BURENIN UND GAVRILYNK (1982), die *B. lomatogona* als abgeleitete Form betrachten. Die Analyse der Struktur genetischer Diversität innerhalb der Sektion wird durch die ausgeprägte Hartschaligkeit des Saatgutes erschwert, was die Verwendung einigermaßen repräsentativer Stichproben in biosystematischen Untersuchungen bis heute verhindert.

Die Sektion *Beta* ist diesbetreffend einfach zu handhaben. Mikroevolution hat in der Sektion zur Entstehung von Arten und Unterarten geführt. 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 verschieden von *B. vulgaris subsp. maritima*. Selbst am gleichen Standort ist der Austausch von Genen zwischen beiden Arten kaum möglich (JUNG *et al.* 1993). Die geographisch stark isolierte Wildrübe *B. patula* mit einem einzigen Vorkommen auf einer Wüsteninsel nahe Madeira ist schon allein aufgrund der Morphologie deutlich von anderen Wildformen der Sektion zu unterscheiden. Sowohl *B. patula* als auch *B. vulgaris subsp. adanensis* besitzen Isoenzymallele, die auch in *B. vulgaris subsp. maritima* auftreten. Somit sind beide Wildrüben mit *B. vulgaris subsp.*

maritima stärker verwandt als *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 *subsp. maritima* selbstkompatibel und selbstbefruchtend (BRUUN ET AL. 1995). Die genetische Diversität zwischen Populationen von *B. macrocarpa* ist größer als die genetische Diversität innerhalb einer Population. *B. patula* und *B. vulgaris subsp. adanensis* sind ebenfalls selbstverträglich. Sie neigen jedoch zu einer größeren Auskreuzungsrate und demzufolge größerer Heterozygotie innerhalb von Populationen und geringerer genetischer Diversität zwischen Populationen.

Besonders polymorph und genetisch divers (LETSCHERT 1993) ist *B. vulgaris subsp. maritima*) die in tiefen Senken bis - 280 m (Israel) aber auch im Bergland bis 1300 m vorkommen kann. Als Anpassung an die extremen klimatischen Unterschiede zwischen Israel und dem Inland Irans einerseits und der Ostküste Dänemarks andererseits haben sich unterschiedliche Überlebensstrategien innerhalb der Art herausgebildet. Einjährige oder einjährig überlebende sowie vernalisationsbedürftige zwei- und mehrjährige Formen entstanden. Auch regionalspezifische optimale Keimungsbedingungen sowie unterschiedlicher Stratifizierungsbedarf der Samen sind Ausdruck einer regionalspezifischen Anpassung. LETSCHERT UND FRESE (1993) suchten anhand von morphologischen Merkmalen nach regionalen Verteilungsmustern bei *B. vulgaris subsp. maritima* aus der Region Sizilien. Räumlich benachbarte Populationen unterschieden sich oft stark. Auch gab es Hinweise auf eine schwache Differenzierung zwischen 'Inland-' und 'Küstenpopulationen'. Dennoch war kein deutliches geographisches Verteilungsmuster erkennbar. Die Variation hier wie auch im gesamten Areal ist eher als kinal zu bezeichnen (SMARTT 1992). LETSCHERT (1993) suchte mit Hilfe der Analyse von Isoenzymen nach geographischen Verteilungsmustern innerhalb der Sektion *Beta*. Macrogeographisch konnte er einen atlantischen Formenkreis einschließlich *B. patula* beschreiben, für den das Vorkommen des ACP1-2 Allels kennzeichnend ist. Davon scharf getrennt (mehr oder weniger an der Meerenge von Gibraltar) existiert östlich davon ein mediterraner Formenkreis. Im Mittelmeerraum waren einige Allele eher regional verteilt (Griechenland und Sizilien: MDH1-1, LAP1-5). Im mittleren und östlichen Mittelmeerraum zeichneten sich die Populationen durch eine größere genetische Diversität aus. Doch welche Diversität beschreiben Isoenzyme überhaupt? RAYBOULD ET AL. (1997) untersuchten bei *B. vulgaris subsp. maritima* den Austausch von Genen zwischen Populationen in einem linearen Habitat mit Hilfe von Isoenzymen und RFLP Markern. Bei 'Kliffpopulationen' konnten sie anhand beider Markersysteme eine starke räumliche Isolierung zwischen Populationen beschreiben. Im 'Hafenhabitat' ließ sich nur mit RFLP Markern eine räumliche Isolierung nachweisen, nicht jedoch mit Isoenzymen. Die Gründe hierfür sind noch nicht bekannt.

Hilfreich wären auch systematische Untersuchungen der Struktur genetischer Diversität von Kulturformen. Nach gängiger Ansicht begann der Domestikationsprozeß mit der Auslese von Blattrüben aus *B. vulgaris subsp. maritima*; die Selektion von Pflanzen mit verdickter Wurzel führte schließlich zur Herausbildung der Formenkreise 'Gartenrüben' und 'Futterrüben'. Die Entstehung der Zuckerrübe ist nicht eindeutig geklärt. Sie wurde entweder aus der Futterrübenpopulation 'Weiße Schlesische Runkelrübe' oder nach Kreuzung von Futterrüben mit *B. vulgaris subsp. maritima* oder Blattrüben ausgelesen. Letzteres wurde von FISCHER (1989), der Blatt- mit Futterrüben kreuzte, experimentell

nachvollzogen. JUNG ET AL. (1993) dagegen argumentieren, daß Zuckerrüben als Nachkommen aus der Kreuzung Futter- x Blattrübe eine höhere genetische Diversität aufweisen müßten als sie im geprüften Zuckerrübenmaterial beobachten konnten. Demgegenüber fanden NAGAMINE ET AL. (1989) höhere genetische Diversität in monogermem und multigermem Zuckerrübenmaterial als in einem Sortiment von alten Futterrübensorten. Dies würde eher für die Hypothese von FISCHER (1989) sprechen. Insgesamt sind die Kenntnisse über die Diversität und Verwandtschaft von Kulturformen und Kultursorten für ein sachgerechtes Genpoolmanagement nicht ausreichend.

Landsorten und alte Sorten der Gartenrüben und Blattrüben sind jedoch weit verbreitet und haben eine lange Kulturgeschichte. So sind Blattrüben vor etwa 1500 Jahren nach China gelangt (SUN YICHU 1991). Ob sich dort ein geographisch isolierter, vom europäischen Material abweichender Formenkreis entwickelt hat, ist Gegenstand von geplanten Untersuchungen der chinesischen und japanischen Partner im Welt *Beta* Netzwerk. Auffallend ist, daß das chinesische Material sich durch Krankheitsresistenz und Stresstoleranz auszeichnet (SUN YICHU 1994).

Und damit ist der züchterisch interessante Teil des Genpoolmanagements angesprochen. Der Einsatz von molekularen Untersuchungsmethoden hat das Verständnis der Strukturen genetischer Diversität bei Wildarten sehr verbessert. Durch eine detaillierte Untersuchung von Wildpopulationen analog zu RAYBOULD ET AL. (1997) kann dieses Verständnis vertieft werden. Interessant ist jedoch vor allem, inwieweit die geographische Verteilung pflanzenzüchterisch wichtiger Merkmale mit Verteilungsmustern von molekularen Markern übereinstimmt. Gibt es 'hot spots' für genetische Diversität züchterisch bedeutender Eigenschaften und sind diese deckungsgleich mit Regionen, in denen mit Hilfe molekularer Marker hohe genetische Diversität beschrieben wurde? Untersuchungen dieser Art wären nicht nur spannend, sondern wären auch nützlich für die Entwicklung eines rationalen, zielorientierten Genpoolmanagements. Der Nachweis höherer genetischer Diversität anhand von Isoenzymallelen bei *B. vulgaris subsp. maritima* in der östlichen Mittelmeerregion (LETSCHERT 1993) ist nicht zwingend gleichbedeutend mit höherer genetischer Diversität nutzbarer Eigenschaften in griechischen und türkischen Herkünften. Im Gegenteil, Populationen mit Resistenz gegen *Rizomania* treten gehäuft in der Normandie und Bretagne auf; die Resistenz gegen *C. beticola* stammt aus der italienischen Po-Ebene, die eher als Randgebiet des Verbreitungsareals anzusehen ist. Ob interessante Eigenschaften zufällig verteilt (wie im Fall der *ms* Gene und des *cms*-Plasmas (BOSEMARK 1998 in press) oder regional gehäuft vorkommen, ist im Grunde völlig unbekannt. Im Rahmen des EU Kooperationsprojektes GENRES CT95 42 erhoffen wir uns, Antworten auf diese Fragen zu finden. Zum heutigen Zeitpunkt ist jedoch der Zusammenhang zwischen der Verbreitung nutzbarer Eigenschaften und der geographischen Verteilung von molekularen Markern völlig unbekannt.

3 Sammlung und Erhaltung

Die Gattung enthält eine Vielzahl von nützlichen Eigenschaften (VAN GEYT ET AL. 1990), die möglichst in der gesamten Breite ihrer Variabilität erhalten werden müssen. Aufgrund der Finanzierung von Sammelreisen durch das IPGRI und der späteren international im WBN abgestimmten Durchführung weiterer Reisen waren Genbanken hinsichtlich der Sammlung und Erhaltung genetischer Ressourcen erfolgreich.

3.1 Sammlung

Die ersten gut dokumentierten Sammelreisen führte BUTTLER (1977) in der Türkei im Zeitraum von 1969 bis 1976 durch. Eine Zusammenstellung von 34 weiteren Sammelreisen verschiedener Organisationen im Mittelmeerraum veröffentlichte DONEY ET AL. (1995). Anhand der geringen Zunahme von Neueinträgen in der Internationalen Datenbank für *Beta* (IDBB) läßt sich feststellen, daß z.Z. nur noch kleinere geographische Lücken im Bestand durch neue Aufsammlungen geschlossen werden. Der internationale *Ex-situ*-Bestand an genetischen Ressourcen der Gattung *Beta* hat mit rund 9500 Mustern einen Umfang erreicht, der sich vermutlich nicht mehr sehr stark ändern wird.

3.2 Erhaltung

An der BAZ Genbank werden Wild- und Kulturrüben i.d.R. im Isoliergewächshaus, aber auch in Hanfstreifen in Populationsgrößen von rund 50 Pflanzen, angebaut. Die Arten und Unterarten der Gattung *Beta* besitzen eine unterschiedliche Eignung für das *Ex-situ*-Erhaltungsverfahren. Problematisch sind stark heterogene Kulturformen aus dem griechischen und türkischen Verbreitungsgebiet, deren Vernalisationsbedürfnis insbesondere bei einer Erstvermehrung nicht immer richtig eingeschätzt werden kann. Der Verlust von stark vernalisationsbedürftigen Genotypen ist deshalb möglich. Ähnliche Probleme bestehen auch bei Wildformen der Sektion *Beta*, die sich durch unterschiedliches Keimungsverhalten auszeichnen. Die *Ex-situ*-Erhaltung kann deshalb die Auslese schneller keimender Genotypen innerhalb der Wildpopulationen fördern. Fast unvermeidbar sind Veränderungen in der genetischen Zusammensetzung von Herkünften hartschaliger *Corollinae*-Arten, insbesondere *B. macorrhiza* und *B. lomatogona*, die nur schlecht an nordwesteuropäische Umweltbedingungen angepaßt sind. Zur Erhaltung des Genpools werden im Rahmen der Arbeitsteilung im WBN unterschiedliche Maßnahmen durchgeführt. Griechenland sichert durch die Einrichtung von Naturschutzgebieten die *In-situ*-Erhaltung von *Beta nana*, während der polnische Partner *In-vitro*-Material dieser schwer vermehrbaren Art verfügbar hält. Der chinesische Partner ist verantwortlich für die Organisation von *In-situ*-/On-farm-Erhaltungsmaßnahmen für einheimische Blattrüben, um nur einige Beispiel zu nennen.

4 Evaluierung und Nutzung

Wenn man eine Genbank als Warenhaus betrachtet, und viele Arbeitsabläufe innerhalb einer Sammlung ähneln tatsächlich denen eines kommerziellen Lagerhaltungssystems, so kann man auch nach dem Absatzmarkt und dem Nutzen einer Genbank fragen. Vor ca. 10 Jahren wurde die *Beta*-Sammlung in Europa eher zurückhaltend genutzt. Man konzentrierte sich damals auf die Nutzung der *Procumbentes*-Arten. Diese Situation hat sich nach der Entdeckung einer ganzen Reihe von Resistenzeigenschaften in der Sektion *Beta* völlig geändert. Die Wildarten dieser Sektion sind leicht mit der Zuckerrübe zu kreuzen und zudem kann, wie BOSEMARK (1989) zeigte, der Leistungsabfall nach Einkreuzung von exotischem Material der Sektion *Beta* in die Zuckerrübe in wenigen Generationen rückgängig gemacht werden.

Mit Beginn der kontinuierlichen Evaluierung von jährlich 20-30 Herkünften auf Resistenz gegen wichtige Krankheiten der Zuckerrübe in den USA hat das Interesse an genetischen Ressourcen auch in Europa deutlich zugenommen. Die Erfolgchancen eines Evaluierungsprogramms sind auf jeden Fall wesentlich höher als bei der Suche nach pharmazeutischen Wirksubstanzen. Die BAZ-Genbank koordiniert zur Zeit das EU-Projekt GENRES CT95 42 mit dem Titel 'Evaluation and Enhancement of *Beta* Collections for Extensification of Agricultural Production'. Nach Ablauf des ersten Projektjahres und der Evaluierung von 110 - 200 Herkünften pro Merkmal gibt es bereits erste positive Ergebnisse. Herkünfte mit vielversprechender Variation für Resistenz gegen *Rhizoctonia solani*, Vergilbungsvirus, Rizomania, *Erysiphe betae* und *Cercospora beticola* wurden entdeckt.

Charakteristisch für die Arbeiten an *Beta*-Rüben ist das starke Engagement der kommerziellen Pflanzenzüchtung im Bereich *Pre-Breeding*. Firmen verwenden, wie im Fall der Rizomania-Resistenz, Wildmaterial direkt in ihrem Zuchtprogramm (BÜTTNER ET AL. 1997, MECHELKE 1997). Ein sehr interessantes Programm zur Entwicklung von Basispopulationen (vom Koordinator als 'buffer population' bezeichnet) begann unter Leitung der französischen Zuchtfirma Desprez die Studiengruppe Genetik und Züchtung des Internationalen Instituts für Zuckerrübenforschung (IIRB) (DESPREZ 1997). An der Entwicklung von 'buffer' Populationen beteiligen sich fast alle größeren Zuchtunternehmen. Die Entwicklung der 'buffer' Populationen beginnt mit der Einkreuzung einer Auswahl französischer Herkünfte von *B. vulgaris subsp. maritima*, der Durchkreuzung und Rekombination bei milder Auslese auf Zweijährigkeit und Wurzelform über mehrere Jahre und abschließender Inzucht von Material. Erst dann beginnt die Evaluierung von Familien auf Krankheitsresistenz. Die Projektgruppe GENRES CT95 42 verfolgt dagegen eine traditionelle Strategie der Nutzung, d.h. Evaluierung, Einkreuzung und Selektion. Tatsächlich bereiten extrem einjährige Formen im GENRES CT95 42 Projekt Schwierigkeiten bei der Evaluierung unter Feldbedingungen. Zur Beurteilung der nutzbaren Eigenschaften wäre die Entwicklung spezieller Testbedingungen für einjährige Formen notwendig. 'Buffer' Populationen sind deshalb eine interessante Alternative zur Erschließung nutzbarer Variabilität einjähriger Herkünfte. Das Management genetischer Ressourcen der *Beta*-Rübe zeichnet sich durch eine enge internationale Kooperation zwischen allen Interessensgruppen, d.h. Genbanken, Forschungseinrichtungen und der privaten Pflanzenzüchtung aus. Die kurzen Informationswege und der freie, ungehinderte Austausch von genetischen Ressourcen und damit verbundener Informationen über Kontinente hinweg ist für die

Interessensgruppe charakteristisch. Der regelmäßige Gedankenaustausch anlässlich von WBN- und IIRB-Tagungen fördert das wechselseitige Verständnis der spezifischen Probleme bei der Konservierung und Nutzbarmachung des Genpools. Das Genpoolmanagement wird als eine Gemeinschaftsaufgabe verstanden, zu der jeder im Rahmen seiner Möglichkeiten beiträgt und die allen Nutzen bringt.

5 Literatur

- ABE, J., H. NAKASHIMA AND C. TSUDA (1987): Isozyme Variation and Species Relationships in the Genus *Beta*. Memoirs of the Faculty of Agriculture, Hikkaido University, Sapporo, Japan; **15**, No.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. *subsp. vulgaris* (Zucker- und Futterrübe). Züchter, **29**, 193-203.
- BOSEMARK, N. O. (1989): Prospects for Beet Breeding and Use of Genetic Resources. International Crop Network Series. **3**. Report of an International *Beta* Genetic Resources Workshop, Wageningen, the Netherlands, 7.-10.02. 1989 IBPGR, Rome.
- BOSEMARK, N.O. (1998): Genetic diversity for male sterility in wild and cultivated beets. In: FRESE, L., L. PANELLA, H.M. SRIVASTAVA AND W. LANGE (eds.): International *Beta* Genetic Resources Network. A report of the 4th International *Beta* Genetic Resources Workshop and World *Beta* Network Conference, February 28 - March 03, 1996. International Crop Network Series. IPGRI, Rome. In press.
- BOUGHEY, C. L. (1981): Evolutionary and taxonomic studies in wild and cultivated beets. Ph.D. thesis, University of Birmingham.
- BRAMWELL, D. AND Z. I. BRAMWELL (1984): Wild Flowers of the Canary Islands. Stanley Thornes Ltd., Cheltenham.
- BRUUN, L., A. HALDRUP, S. G. PETERSEN, L. FRESE, TH.S.M. DE BOCK AND 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.
- BURENIN, V.J. UND J. P. GAVRYLINK (1982): Systematik und Phylognese der Gattung *Beta* L. *Trudy po Prikladnoj Botanike, Genetike i Seleksii*, **72(3)**, 3-12.
- BUTTLER, K.P. (1977): Variation in wild populations of annual beet *Beta* (*Chenopodiaceae*). Plant Syst. Evol. **128**, 123-136.
- BUTTLER, K. P. (1997): Revision von *Beta* Sektion *Corollinae* (*Chenopodiaceae*). I. Selbst- sterile Basisarten.
- BÜTTNER, G., L. FRESE UND G. STEINRÜCKEN (1997): Selektion von Rizomania-Resistenzgenen aus Wildrüben (*Beta vulgaris* L.). Aus dem Institut für Zuckerrübenforschung, Göttingen. Beiträge und Poster von IIRB-Kongressen. Cuvillier Verlag Göttingen, 1-11.
- DESPREZ, B. (1997): Doggett-Poulation Programme. Paper presented during the meeting of the IIRB Study Group Genetics and Breeding, 18-19 September, 1997, Frauenfeld, Switzerland.

- DONEY, D. L., B.V. FORD-LLOYD, L. FRESE AND A. TAN (1995): Scientists Worldwide Rally to Rescue the Native Beets of the Mediterranean. *Diversity*, **11**. Nos. 1&2, 124.
- FRESE, L. (1990): The Dutch-German *Beta* Genetic Resources Programm - Objectives and Activities, *Zuckerind.* 115 (1990) Nr. **1**, 268-274.
- FRESE, L.(1992), (EDS.): International *Beta* Genetic Resources Network. A report on the 2nd International *Beta* Genetic Resources Workshop held at the Institute for Crop Science and Plant Breeding. Braunschweig, Germany, 24-28 June 1991.
- FRITZSCHE, K., M. METZLAFF, R. MELZER AND R. HAGEMANN (1987): Comparative restriction endonuclease analysis and molecular cloning of plastid DNAs from wild species and cultivated varieties of the genus *Beta* (L.). *Theor Appl. Genet.* **74**, 589-594.
- GEYT VAN, J.P.C., W. LANGE, M. OLEO AND S.M. DE BOCK (1990): Natural variation within the genus *Beta* and its possible use for breeding sugar beet: A review. *Euphytica*, **49**, 57-76.
- JUNG, C., K. PILLEN, L. FRESE, S. FÄHR. AND A. E. MELCHINGER (1993): Phylogenetic relationships between cultivated and wild species of the genus *Beta* revealed by DNA „fingerprinting,.. *Theor. Appl. Genet.* **96**, 449-457 (i.O.:)
- LANGE, W., W.A. BRANDENBURG AND TH.S.M. DE BOCK (1998): Proposal for a taxonomical classification of the cultivated forms of beet, *Beta vulgaris* L. In: FRESE, L., L. PANELLA, H.M. SRIVASTAVA, W. LANGE (editors). International *Beta* Genetic Resources Network. A report on the 4th International *Beta* Genetic Resources Workshop and World *Beta* Network Conference, February 28 - March 03, 1996. International Crop Network Series. IPGRI, Rome. In press.
- LETSCHERT, J. P. W. (1993): *Beta* section *Beta*: biogeographical patterns of variation and taxonomy.
- LETSCHERT, J.P.W. AND L. FRESE (1993): Analysis of morphological variation in wild beet (*Beta vulgaris* L.) from Sicily. *Genetic Resources and Crop Evolution* **40**, 15-24.
- MECHELKE, W. (1997): Probleme in der Rizomaniaresistenzzüchtung, Vorträge für Pflanzenzüchtung, Resistenzzüchtung bei Zuckerrüben, Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e.V., 113-123.
- MITA, G., M. DANI, P. CASCIARI, A. PASQUALI, C. MINGANI AND P. PICCARDI (1991): Assessment of the degree of genetic variation in beet based on RFLP analysis and the taxonomy of *Beta*. *Euphytica*, **55**, 1-6.
- NAGAMINE, T. AND 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.
- NAGAMINE, T., J. P. CATTY AND B. V. FORD-LLOYD (1989): Phenotypic polymorphism and allele differentiation of isozymes in fodder beet, multigerm sugar beet and monogerm sugar beet. *Theor. Appl. Genet.* **77**, 711-720.
- RAYBOULD, A. F., R. J MOG AND C. J. GLIDDON (1997): The genetic structure of *Beta vulgaris ssp. maritima* (sea beet) populations. II. Differences in gene flow estimated from RFLP and isozyme loci are habitat-specific. *Heredity* **78**, 532-538.
- REAMON-BÜTTNER, S. M., G. WRICKE AND 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.
- SCHMIDT, T., C. JUNG AND M. METZLAFF (1991): Distribution and evolution of two satellite DNAs in the genus *Beta*. *Theor. Appl. Genet* **82**, 793-799.

- SHEN, Y., H. J. NEWBURY AND B. V. FORD-LLOYD (1996): The taxonomic characterisation of annual *Beta* germplasm in a genetic resources collection using RAPD markers. *Euphytica* **91**, 205-212.
- SMITH, G. A. (1981): Alpine Deformation and the Oceanic Areas of the Tethys, Mediterranean, and Atlantic. *Geological Society of America Bulletin*, v. 82, p. 2039-2070.
- STRASBURGER, E. (1979): *Lehrbuch der Botanik*. Gustav Fischer Verlag Stuttgart, New York.
- SUN YI CHU (1994): *Beta* germplasm collection and its application status in China. *Int. Crop Network Series 11. International Beta genetic resources network, A report on the 3rd International Beta Genetic Resources Workshop and World Beta Network Conference, North Dakota State University, Fargo, USA, 4-6 August 1993, 27-29.*
- WAGNER, H., E.-M. GIMBEL AND G. WRICKE (1989): Are *Beta procumbens* Chr. Sm. and *Beta webbiana* Moq. Different Species? *Plant Breeding*, **102**, 17-21.
- WILLIAMS, J. T., SCOTT, A. J. AND B.V. FORD-LLOYD (1976): *Patellaria*: a new genus in the *Chenopodiaceae*. *Feddes Repertorium*, B.87, **5**, 289-292.

Praktisches Genpoolmanagement bei einem Selbstbefruchter - Gerste

Practical genepool mangement of an inbreeding crop - barley

ANDREAS GRANER¹

Zusammenfassung

Trotz der großen Fortschritte, die bei der gentechnischen Bearbeitung der Hauptgetreidearten in den letzten Jahren erzielt werden konnten, besteht kein Zweifel daran, daß konventionelle Kreuzungszüchtung auch im nächsten Jahrhundert die Grundlage für die züchterische Verbesserung der Gerste darstellen wird. In diesem Zusammenhang wird anhand verschiedener Beispiele dargestellt, auf welche Weise der Einsatz molekularer Markertechniken einen Beitrag zur Charakterisierung und Nutzung der im Genpool der Gerste vorhandenen Variabilität liefern kann.

Summary

Despite the progress that has been achieved in the recent past regarding genetic engineering of small grain cereals, there is no doubt that, also in the future, conventional cross breeding will form the basis of genetic improvement of barley. Based on several examples the present paper will describe, how the application of molecular marker techniques is able to contribute to an improved characterization and utilization of the variability present in the genepool of barley.

1 Grundlagen

Die Gattung *Hordeum* umfaßt über 30 Arten, von welchen ausschließlich die Art *Hordeum vulgare* landwirtschaftlich genutzt wird. Sie stellt eine der ältesten und weltweit bedeutendsten landwirtschaftlichen Kulturarten dar und ist folglich einem bereits mehrere Jahrtausende währenden Anpassungsprozess durch den Menschen unterworfen. Der primäre Genpool enthält die Kulturgerste *H. vulgare ssp. vulgare* sowie ihre Wildform *H. vulgare ssp. spontaneum*. Beide Formen sind beliebig miteinander kreuzbar und ergeben fertile Nachkommen. Der sekundäre Genpool umfaßt lediglich die Art *H. bulbosum*, welche nur eine bedingte Kreuzbarkeit mit der Kulturgerste aufweist. Der tertiäre Genpool enthält weitere 30 *Hordeum*-Arten, welche nach Kreuzung mit *H. vulgare* keine fertilen

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

Bastarde ergeben (VON BOTHMER ET AL. 1995, Abb. 1). Aufgrund ihrer weltweiten landwirtschaftlichen Nutzung und ihrer großen Bedeutung als Forschungsobjekte, zählt die Gerste zu den genetisch am besten charakterisierten Kulturpflanzen. Ihre sieben Chromosomen stellen das Grundgenom aller Arten innerhalb des Tribus der *Triticeae* dar, in welchem die wichtigsten in Europa angebauten Getreidearten und Futtergräser zu finden sind. In diesem Zusammenhang stellt die molekulargenetische Analyse des Gerstengenoms einen wichtigen Beitrag zum Aufbau einer die Gattungsgrenzen überspannenden, integrierten Gräsergenetik dar (MOORE ET AL. 1995). Trotz - oder gerade wegen - der großen Fortschritte im Bereich der pflanzlichen Bio- und Gentechnologie stellen genetische Ressourcen als Quelle neuer genetischer Variabilität das Rückgrat für die zukünftige züchterische Bearbeitung vieler Kulturpflanzen dar. Im Hinblick auf die Gerste wird dieser Tatsache durch deren zentrale Bedeutung in vielen Genbanken und Sammlungen Rechnung getragen. Nachfolgend sollen Möglichkeiten und Wege aufgezeigt werden, wie durch den Einsatz molekularer Markertechniken das Management und die Nutzung genetischer Ressourcen effizienter gestaltet werden können.

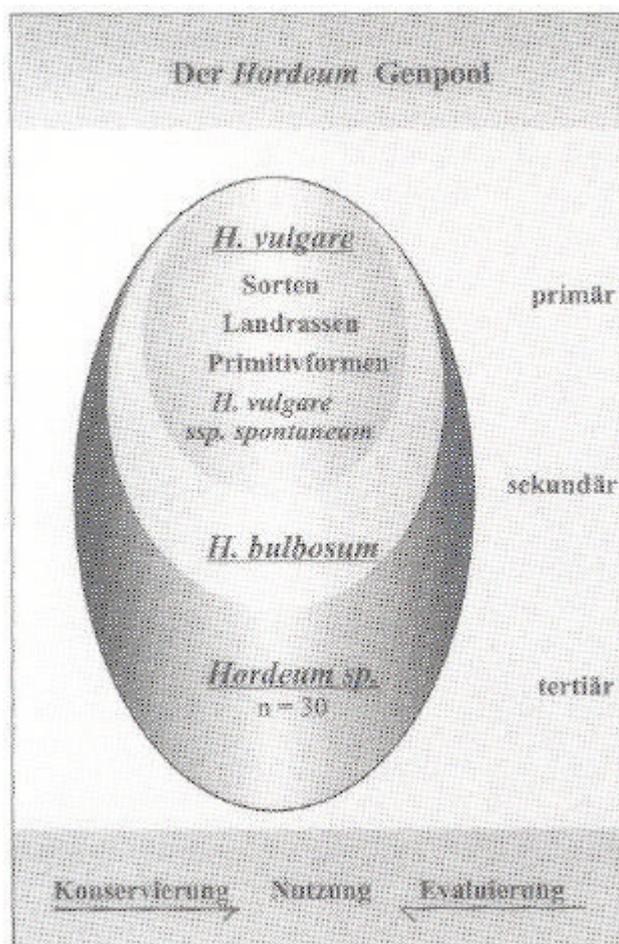


Abb. 1: Primärer, sekundärer und tertiärer Genpool der Gattung *Hordeum*

Fig. 1: Primary, secondary and tertiary gene pool of the genus *Hordeum*

2 Die IPK-Gerstensammlung

Die Bearbeitung der Gerstensammlung am IPK ruht auf den drei Säulen *Konservierung*, *Evaluierung* und *Nutzung*. Die Konservierung genetischer Ressourcen bei der Gerste erfolgt weitgehend *ex situ*. Weltweit sind gegenwärtig rund 485.000 Muster in unterschiedlichen Sammlungen registriert. Die in Gatersleben gehaltene Gerstensammlung umfaßt ca. 12.000 Herkünfte, wobei es sich in erster Linie um Kulturformen handelt, welche durch 100 *H. vulgare ssp. agriocrithon* und 250 *H. vulgare ssp. spontaneum* Herkünfte ergänzt werden. Nach dem Weizen stellt die Gerste somit die zweitgrößte Sammlung an der Genbank des IPK dar. Die Lagerung der Samenproben erfolgt in einem Kühllager bei 0°C. Unter diesen Bedingungen wurde über einen Zeitraum von mehr als 20 Jahren keine nennenswerte Abnahme der Keimfähigkeit des eingelagerten Materials registriert. Der sich daraus ergebende lange Replikationszyklus erlaubt eine Konservierung mit einem vergleichsweise geringen Aufwand. Die Evaluierung der einzelnen Gerstenherkünfte erfolgt in einem zweistufigen Prozeß. Die primäre Evaluierung neuen Materials findet bereits während des ersten Reproduktionsanbaus nach Eingang des Samenmusters am IPK statt. Die sekundäre Evaluierung, welche sich vorwiegend auf die Erfassung von Krankheitsresistenzen gegen die wichtigsten pilzlichen und viralen Krankheitserreger konzentriert, wird in Zusammenarbeit mit anderen Forschungsinstitutionen in der Regel außer Haus vorgenommen.

3 Genetische Ressourcen in der Gerstenzüchtung

Neben dem kulturhistorischen Wert des in den Genbanken gelagerten Samenmaterials rechtfertigt vor allem die züchterische Nutzung der in den Genbanken konservierten genetischen Diversität die Kosten und den Aufwand ihres Aufbaus und ihrer Erhaltung. Die züchterische Nutzung genetischer Ressourcen unterliegt hierbei einer zeitlich-technologischen Komponente, welche sich in der Entwicklung der Gerstenzüchtung widerspiegelt (FISCHBECK 1992). Nach einer ersten Phase der Selektion verbesserter Linien aus regionalen Landrassen, die bis in die 30er Jahre andauerte, stellt die Kreuzungszüchtung seit mehr als einem halben Jahrhundert die Triebfeder für die erfolgreiche züchterische Verbesserung dar. Hierbei gilt es, vorhandene Genkomplexe durch Rekombination innerhalb adaptierten Zuchtmaterials behutsam zu verbessern. Ein Resultat dieser Strategie ist jedoch die Bildung distinkter Genpools für Sommer- und Wintergerste, die auf dem wiederholten Einsatz unterschiedlicher Hauptvererberlinien in den verschiedenen Formenkreisen beruht. Die Folge ist eine abnehmende genetische Diversität, wie sie durch Verschiebung der Frequenzen von RFLP-Markerallelen nachgewiesen werden konnte (GRANER ET AL. 1990, MELCHINGER ET AL. 1994).

Die dritte und jüngste Phase der Gerstenzüchtung ist durch die zunehmende Nutzung von *Hordeum spontaneum* als Quelle neuer Variabilität gekennzeichnet. Da sich der Zuchtwert der Gerste als Selbstbefruchter aus ihrer Eigenleistung ergibt, stellt die züchterische Nutzung des in den Genbanken vorliegenden Materials eine Funktion der für die einzelnen Herkünfte vorhandenen Leistungsdaten dar. Dies impliziert, daß die bisherige Nutzung von Genbankmaterial weitgehend auf solche Herkünfte begrenzt war, welche im Rahmen der Evaluierungsarbeiten als Träger neuer Resistenzgene identifiziert wurden.

Hierbei steht vor allem die Übertragung neuer Krankheitsresistenzen im Vordergrund. Aufgrund der damit einhergehenden Übertragung unerwünschter Eigenschaften von der Wildform in die Kulturform ist die Einlagerung neuer Resistenzgene in leistungsfähige Zuchtstämme an die Durchführung langwieriger und aufwendiger Rückkreuzungsprogramme gebunden. Der sowohl mit der Evaluierung der Wildformen als auch mit der Übertragung entsprechender Genkomplexe in adaptierte Genotypen verbundene Aufwand stellt gegenwärtig das größte Hindernis im Hinblick auf die Nutzung genetischer Ressourcen dar.

Im Gegenzug bieten sich gerade in diesem Bereich eine Reihe vielversprechender Einsatzmöglichkeiten für die Anwendung molekularer Markertechniken.

4 Neue Wege zur Nutzung und Charakterisierung genetischer Ressourcen

4.1 Quantifizierung genetischer Diversität und Genpoolcharakterisierung

Die Entwicklung von DNA-Markertechniken und die Verfügbarkeit entsprechender, genomabdeckender Markerkarten eröffnen eine Reihe neuer Ansätze, sowohl für die molekulargenetische Charakterisierung bestehender Gerstenkollektionen, als auch für die züchterische Nutzung genetischer Diversität. So läßt sich durch genomweites Fingerprinting innerhalb kurzer Zeit eine große Zahl von DNA-Fragmenten zur Ermittlung genetischer Ähnlichkeiten/Distanzen erzeugen. Anhand dieser Daten kann mit Hilfe multivariater Analyseverfahren die Struktur eines Genpools beschrieben und einzelne Genotypen verschiedenen Formenkreisen bzw. heterotischen Gruppen zugeordnet werden (Abb. 2). Entsprechende Daten stellen unter anderem wichtige Entscheidungshilfen beim Aufbau von *Core Collections* dar, da hier das Ziel verfolgt wird, mit möglichst wenigen Genotypen ein Maximum an genetischer Diversität zu erfassen.

Darüber hinaus können molekulare Markerdaten wertvolle Entscheidungshilfen für die Elternwahl in Kreuzungsprogrammen liefern. So lassen sich zum einen genetisch divergente Elternlinien zur Maximierung der genetischen Aufspaltungsvarianz in Nachkommenschaftsgenerationen identifizieren oder, als Alternativstrategie, solche Elternlinien identifizieren, welche aufgrund ihrer genetischen Ähnlichkeit nur zu einem geringfügigen Umbau des Genoms in den Nachkommenschaftsgenerationen führen und somit die empfindliche Balance der einzelnen Genkomplexe in Hochleistungslinien nur minimal verändern (Tab. 1).

Interessanterweise lieferte der Vergleich der aus molekularen Markerdaten errechneten genetischen Ähnlichkeit mit dem aus Stammbaumdaten ermittelten Abstammungskoeffizienten nur eine geringe Übereinstimmung beider Ähnlichkeitsmaße (GRANER ET AL. 1994).

Die Hauptursache hierfür dürfte in einer Reihe unrealistischer Annahmen, die bei der Errechnung des Letzteren getroffen werden, liegen. So gelten Herkünfte, deren Stammbäume keine gemeinsamen Vorfahren enthalten, grundsätzlich als unverwandt. Das Gleiche trifft auf Basispopulationen zu. Im Falle der Kulturgerste bedeutet dies, daß für alle Landrassen ein Verwandtschaftskoeffizient von 0 angenommen wird. Da sich mit Hilfe molekularer Marker ein erheblich höheres Auflösungsvermögen erreichen läßt, können diese zur Differenzierung von unverwandtem Zuchtmaterial sowie von Wildformen herangezogen werden (Abb. 2). Ähnliches trifft auf Selektionseffekte zu, die bei der Berechnung des Abstammungskoeffizienten nicht berücksichtigt werden können (der genetische Beitrag jedes Elters zu einem Nachkommen ist definitionsgemäß 0,5).

Tab. 1: Prozentualer Anteil der elterlichen Genome in Nachkommenschaftslinien aus vier Kreuzungen

Tab. 1: Relative contribution of parental genomes to offspring lines of four crosses

Elter P1	Elter P2	Nachkomme	SEK*	% P1 Genom	% P2 Genom
Malta	Tria	Sonja	16	33,3	66,7
Emir	Volla	Aramir	19	36,8	63,2
Aramir	Carina	Ultra	15	41,7	58,3
Aramir	Trumpf	Ursel	20	45,0	55,0

* Sonden/Enzym Kombinationen

Auch hier eignen sich molekulare Markerdaten, um Selektionseffekte, denen züchterisch genutztes Material in der Regel ausgesetzt ist, zu quantifizieren und entsprechend zu berücksichtigen.

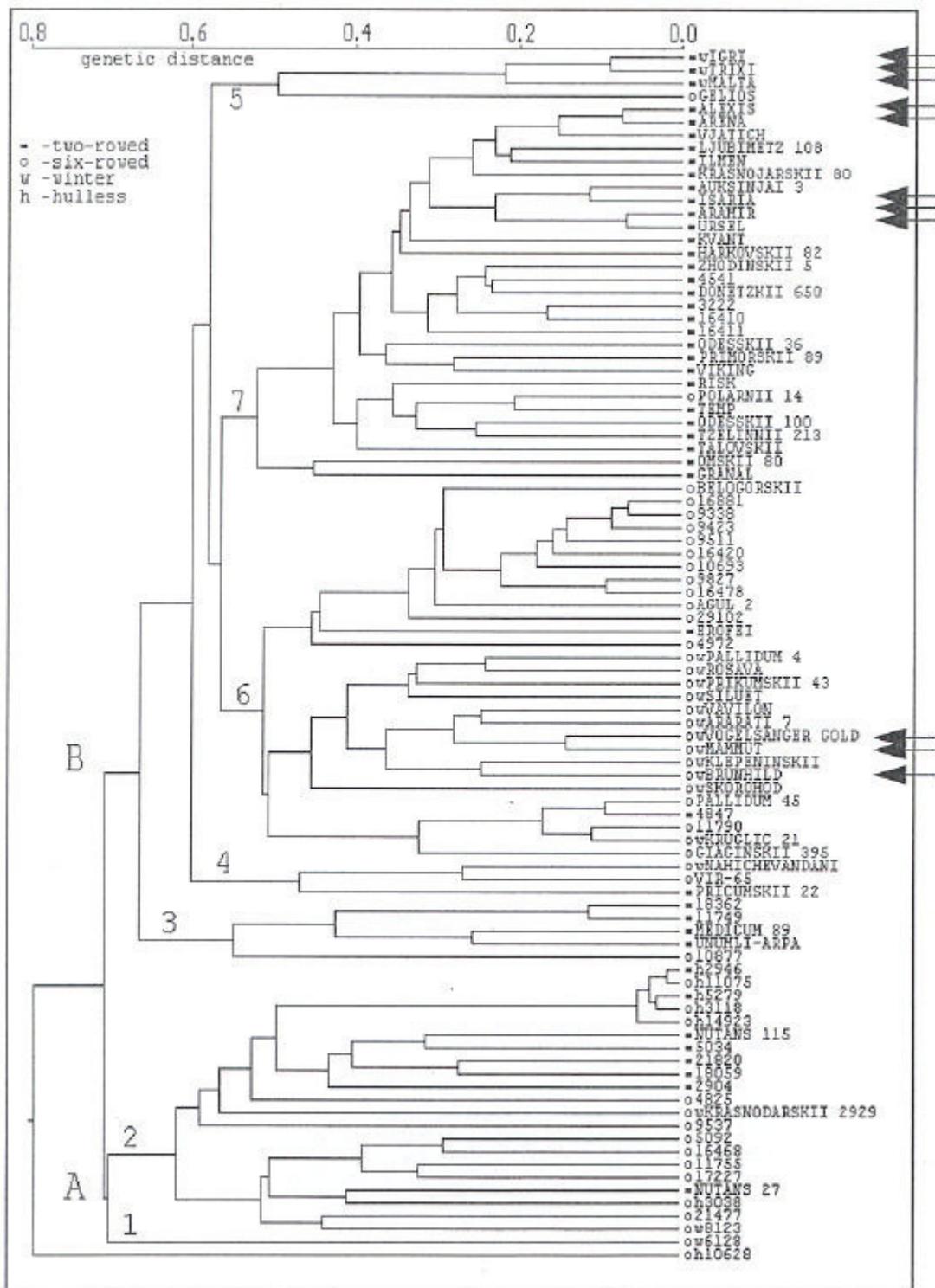


Abb. 2: Dendrogramm 93 russischer und zentraleuropäischer (Pfeile) Gerstensorten, basierend auf der Verrechnung von 335 polymorphen DNA-Fragmenten (STRELCHENKO ET AL. 1996)

Fig. 2: Dendrogramm of 93 Russian and Central European (arrows) barley accessions based on evaluation of 335 polymorphic DNA-fragments

4.2 Markergestützte Selektion

Die Verfügbarkeit von mehr als 1.000 kartierten Markern stellt die Grundlage für die genetische Kartierung agronomischer Eigenschaften dar. Im Hinblick auf Resistenzen gegen pilzliche und virale Schaderreger konnten bis heute über 30 Majorgene sowie eine Reihe quantitativ vererbter Resistenzgene (quantitative trait loci, QTL) mit Hilfe molekularer Marker lokalisiert werden (Zusammenfassung siehe GRANER 1996). Für viele dieser Gene stehen bereits geeignete Marker für züchterische Anwendungen zur Verfügung. Der Vorteil markergestützter Selektionsverfahren liegt zum einen in der effizienten Selektion auf die gewünschte Eigenschaft, darüber hinaus lassen sich durch DNA-Fingerprinting Nachkommenschaftslinien in bezug auf ihre elterlichen Genomanteile charakterisieren (s.o).

Im Rahmen der Nutzung von Wildformen zur Introgression neuer Resistenzgene in Zuchtstämme führt die Anwendung molekularer Markertechniken gegenüber der Selektion auf Merkmalsebene zu einem erheblichen Zeitgewinn, da sich in jeder Rückkreuzungsgeneration diejenigen (resistenten) Linien, welche den höchsten Anteil an rekurrentem Eltern genom aufweisen, eindeutig identifizieren lassen. Auf diese Weise werden markergestützte Selektionsverfahren in Zukunft zu einer erheblich effizienteren Nutzung der in der Wildform *H. vulgare ssp. spontaneum* vorhandenen Resistenzgene führen. Als besonders hilfreich könnte sich der Einsatz markergestützter Selektionsverfahren auch für die Nutzung der verwandten Art *H. bulbosum* erweisen, die eine reiche Quelle neuer Resistenzgene für die Kulturgerste darstellt (Abb. 3). Hier eröffnen Fortschritte, die im Laufe der letzten 10 Jahre bei der Erstellung fertiler Artbastarde erzielt wurden, die stabile Einlagerung von Chromosomenfragmenten aus dieser Wildart in die Kulturgerste. Ähnlich wie im Fall von *H. spontaneum* hängt der potentielle züchterische Nutzen derartiger Primärintrogressionen von der effizienten Eliminierung der das Resistenzgen flankierenden *H. bulbosum*-Chromosomenfragmente ab. Allerdings gilt es in diesem Zusammenhang noch die Frage der reduzierten Rekombination im Bereich introgressierter *H. bulbosum*-Chromosomenfragmente zu klären.

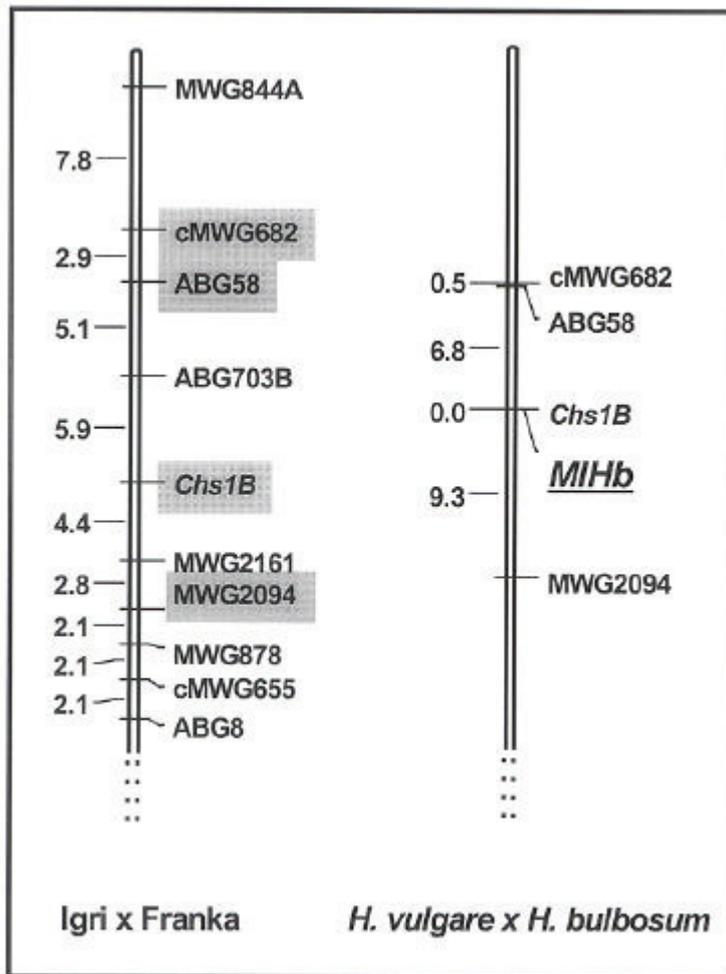


Abb. 3: Molekulare Kartierung der Mehltaresistenz *MIHb* aus *H. bulbosum*. Partielle RFLP-Karten des kurzen Arms von Chromosom 2H. Links ist eine intraspezifische Referenzkarte (*Igri x Franka*) dargestellt

Fig. 3: Molecular mapping of the *MIHb* mildew resistance gene from *H. bulbosum*. Partial RFLP maps of the short arm of chromosome 2H. An intraspecific reference map (*Igri x Franka*) is shown on the left

4.3 Einsatz diagnostischer DNA-Marker

Neben der markergestützten Selektion im praktischen Zuchtgang, d.h. in spaltenden Nachkommenschaften, lassen sich DNA-Marker in geeigneten Fällen zur Sichtung uncharakterisierter Genotypen einsetzen. Im Falle der Evaluierung von Genbankherkünften zur Identifizierung neuer Resistenzgene könnten Träger bereits bekannter Resistenzgene aufgrund charakteristischer (diagnostischer) DNA-Fragmentmuster ermittelt werden. Alle weiteren Arbeiten zur Evaluierung würden sich dann auf solche Herkünfte beschränken können, welche als potentielle Donoren neuer Variabilität in Frage kämen. Voraussetzung für diese Art der Markeranalyse ist eine sehr enge Kopplung zwischen

Gen und Marker. Der diagnostische Wert eines RFLP-Markers für den Nachweis des auf Chromosom 3 lokalisierten Resistenzgens *Rh* gegen den Schadpilz *Rhynchosporium secalis* ist beispielhaft in Abb. 4 dargestellt. Unter den geprüften Gerstenherkünften besaßen nur solche das diagnostische DNA-Fragmentmuster, in welchen aufgrund der vorliegenden Stammbauminformationen bzw. dem Ergebnis genetischer Untersuchungen das entsprechende Resistenzgen vorhanden sein sollte bzw. ist. Weitere diagnostische Marker liegen für das Virusresistenzgen *ym4* auf dem gleichen Chromosomenarm vor.

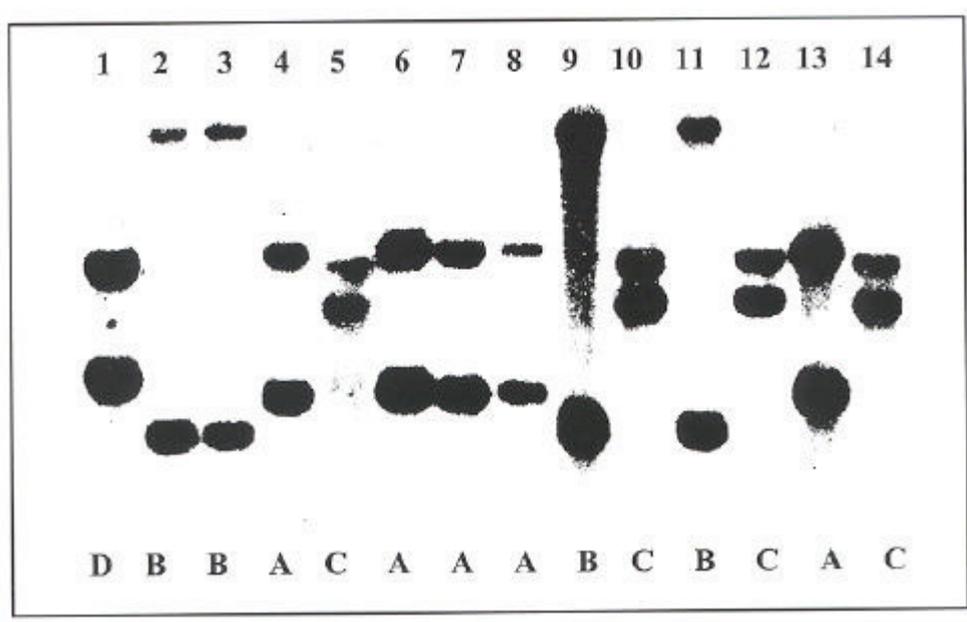


Abb. 4: Diagnostisches Bandenmuster des RFLP-Markers cMWG680 zur Differenzierung verschiedener Resistenzträger (1-10) gegen *Rhynchosporium secalis*. A: Resistenzgen *Rh*; B: *Rh2* sowie anfällige Herkünfte; C: *Rh3/Rh4*; D: *Rh9*. Die Resistenzgene *Rh*, sowie der Genkomplex *Rh3/Rh4* befinden sich auf Chromosom 3H in sehr enger Kopplung zum genannten Marker

Fig. 4: Differentiation of various accessions (1-10) showing resistance to *Rhynchosporium secalis* by using RFLP marker cMWG680. A: Resistance gene *Rh*; B: *Rh2* and susceptible accessions; C: *Rh3/Rh4*; D: *Rh9*. The genes *Rh*, and the gene complex *Rh3/Rh4* are located on chromosome 3H closely linked to the RFLP-marker

4.4 Nutzung von Wildformen zur Verbesserung quantitativer Merkmale

Das größte Hindernis bei der züchterischen Nutzung von Wildformen stellt deren schlechte Eigenleistung in bezug auf die überwiegende Mehrheit agronomischer Merkmale dar. Aus diesem Grund war die Evaluierung genetischer Ressourcen bisher meist auf leicht meßbare, monogen vererbte Eigenschaften, wie z.B. Krankheitsresistenzen, beschränkt. Neuere Ergebnisse, die an Tomate und Reis erzielt wurden,

zeigen jedoch, daß auch bei quantitativ vererbten Eigenschaften (QTL) in Wildformen Allele identifiziert werden können, welche, nach entsprechender Rückkreuzung, zu einer Leistungssteigerung führen (TANKSLEY UND MCCOUCH 1997).

In der Regel sind in der Wildform jedoch die entsprechenden Qtls durch eine Reihe weiterer, sich negativ auf die entsprechende Eigenschaft auswirkende Allele maskiert. Ein sicherlich einleuchtendes Beispiel hierfür stellt der Ertrag dar. Entsprechend einem von NELSON UND TANKSLEY (1996) entwickelten Ansatz kann die Identifizierung und die genetische Kartierung derartiger, positiv wirksamer Qtl-Allele in Nachkommenschaftslinien erfolgen, in welchen jeweils ein kleiner Teil des Kulturgenoms durch das Wildgerstengenom substituiert wurde. Ausgewählte Rückkreuzungslinien lassen sich anschließend durch weitere Markerselektion rasch in züchterisch nutzbares Material überführen bzw. als Ausgangsmaterial für molekulargenetische Studien nutzen.

5 Ausblick

Im Sinne eines modernen Genpoolmanagements bieten sich mannigfaltige Einsatzmöglichkeiten molekularer Markertechniken. Sie komplementieren die bereits in den Genbanken vorhandene Information und erhöhen somit den Wert der Genbanken als Reservoir nutzbarer genetischer Variabilität. Molekulare Markertechniken helfen, eine Brücke zwischen der Konservierung genetischer Ressourcen auf der einen Seite und deren züchterischer Nutzung auf der anderen Seite zu schlagen. Zukünftiges Genpoolmanagement bedeutet Konservierung, Evaluierung und Nutzung sowohl im biologischen als auch im bioinformatischen Sinne, d.h. Bewältigung, Strukturierung und Verwaltung des erwarteten Informationsstroms molekularer Daten. Hier liegen nicht nur große Aufgaben, sondern auch große Chancen für die Nutzung genetischer Ressourcen.

6 Literatur

- BOTHMER VON, R., N. JACOBSEN, C. BADEN, R.B. JORGENSEN AND I. LINDE-LAURSEN (1995): An ecogeographical study of the genus *Hordeum*. 2nd edition. Systematic and Ecogeographic studies on Crop Genepools 7, International Plant Genetic Resources Institute, Rome.
- FISCHBECK, G. (1992): Barley cultivar development in Europe - success in the past and possible changes in the future. In: Barley Genetics VI, Ed.: Munk L., pp. 885-901. Munksgaard Intl., Copenhagen.
- GRANER, A., H. SIEDLER, A. JAHOR, R.G. HERRMANN AND G. WENZEL (1990): Assessment of the degree and type of restriction fragment length polymorphism in barley (*Hordeum vulgare*). Theor. Appl. Genet. **80**, 826-832.
- GRANER, A., W.F. LUDWIG AND A.E. MELCHINGER (1994): Relationships among European barley germplasm: II. Comparison of RFLP and pedigree data. Crop Sci. **34**, 1199-1205.
- GRANER, A. (1996): Molecular mapping of genes conferring disease resistance: the present state and future aspects. In: V Intl. Oat Conference und VII Intl. Barley Genetics Symposium: Invited

- papers. eds. Scoles G., Rossnagel B. pp. 157-166.
- MELCHINGER, A.E., A. GRANER, M. SINGH AND M. MESSMER (1994): Relationships among European barley germplasm: I. Genetic diversity among winter and spring cultivars revealed by RFLPs. *Crop Sci.* **34**, 1191-1199.
- MOORE, G., K.M. DEVOS, Z. WANG AND M.D GALE (1995): Grasses, line up and form a circle. *Current Biology*, **5**, 737-739.
- STRELCHENKO, P.P., O.N. KOVALYOVA, W. MICHALEK AND A. GRANER (1996): RFLP diversity of *barley* in Russia and its relationships with European cultivars. In: V Intl. Oat Conference und VII Intl. Barley Genetics Symposium: Proceedings. [SLINKARD A., G. SCOLES AND B. ROSSNAGEL (eds.)]pp. 224-226.
- TANKSLEY, S.D. AND J.C. NELSON (1996): Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theor. Appl. Genet.* **92**, 191-203.
- TANKSLEY, S.D. AND S.R. MCCOUCH (1997): Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. *Science* **277**, 1063-1066.

Effizienzvergleich biochemischer und molekularer Markermethoden zur Beschreibung genetischer Diversität

Comparison of the efficiency of biochemical and molecular marker methods for the description of genetic diversity

GEORG KOCH¹

Zusammenfassung

Für die phänetische Populationsanalyse stehen inzwischen eine Vielzahl sehr unterschiedlicher Markersysteme zur Verfügung. Die Wahl des Markersystems hängt ab von der Fragestellung und der Struktur der zu untersuchenden Population. Als Kriterien für die Wahl des Markersystems sind eine Reihe von Punkten zu beachten. Viele phänetische Fragestellungen lassen sich nach ihrem Ziel unterscheiden: Differenzierung einzelner Genotypen bzw. Linien oder genetische Analyse der Struktur von Populationen bzw. von heterogenen Abstammungen. Daneben ergeben sich durch biologische Charakteristika der zu untersuchenden Pflanze wesentliche weitere Kriterien für die Wahl des Markersystems (wie die Ploidiestufe, Autogamie/Allogamie oder den zu erwartenden Polymorphiegrad). Häufig spielt noch die natürliche Verbreitung eine Rolle. Schließlich sind die Kosten der Analysen (Personal, Geräte, Reagenzien) zu berücksichtigen. Aus der Summe dieser Betrachtungen ergeben sich Effizienzkriterien, die im Vortrag anhand der Markertechniken, ihrer Möglichkeiten und Grenzen an ausgewählten Beispielen vorgestellt werden.

Summary

Several marker systems are now available for phenetic population analysis. The choice of marker system depends on the research objective and on the type of population. As criteria for the choice of marker system a number of points should be considered. Many phenetic questions may easily be classified by their objective: Differentiation of single genotypes or lines or genetic analysis of the structure of populations or heterogeneous accessions. Moreover, essential criteria for the choice of the marker system are given by biological characteristics of the plant under consideration such as ploidy level, autogamy/allogamy or the expected degree of polymorphism. Often, the natural distribution plays a role.

¹ A. Diekmann-Heimburg
Saatzucht Sülbeck
Kirchhorster Str. 16
31688 Nienstädt

Finally, the costs of the analysis (staff, equipment, reagents) need to be considered. All these considerations yield efficiency criteria, which will be demonstrated of selected examples concerning the marker techniques, their potential and their limits.

1 Einleitung

Die Nutzung biochemisch-genetischer Marker und hier insbesondere die Anwendung molekularer Marker, ist inzwischen zu einem integralen Bestandteil vieler Züchtungsprogramme geworden. Molekulare Marker werden auch für die züchterische Nutzung pflanzen genetischer Ressourcen eine steigende Bedeutung erlangen, sofern sie nicht bereits eingesetzt werden, z. B. in Rückkreuzungsprogrammen (TANKSLEY AND MCCOUCH 1997). Vor der markergestützten oder klassisch-züchterischen Introgression monogener und polygener Eigenschaften von Wildarten steht die Beschreibung und Erfassung der genetischen Diversität pflanzen genetischer Ressourcen als ein wichtiger Beitrag zur Verbreiterung der genetischen Variabilität heutiger Kulturarten. Die sich hieraus ergebenden Fragestellungen zur Erfassung, Erhaltung, Schonung und Nutzung pflanzen genetischer Ressourcen bilden ein weites Spektrum möglicher Anwendungen von Markertechniken.

Einen Einstieg und eine Übersicht über die vielfältigen Einsatzgebiete bieten z.B. die Web-Seiten der FAO (<http://web.icppgr.fao.org/> und <http://web.icppgr.fao.org/ITCPGR/Leipzig.html>). Aufgrund dieser Vielfalt ist es notwendig, sich für jede Fragestellung die entsprechende Markertechnik sorgfältig auszuwählen. Im folgenden werden daher die verschiedenen Techniken anhand ausgewählter Beispiele vorgestellt und ihre Vor- und Nachteile allgemein beschrieben. Auf eine dezidierte Kosten-/Nutzenrechnung wurde aufgrund der rasanten Entwicklung in diesem Bereich verzichtet. Eine Kostenanalyse findet man z.B. unter <http://web.icppgr.fao.org/ITCPGR/96.3/ann1.html>.

2 Rahmenbedingungen für den Einsatz biochemisch-genetischer Marker

Es muß unterschieden werden zwischen Markertypen, die ohne weitere Vorinformation (Sequenz- oder Kopplungsdaten) bzw. Vorarbeiten (Klonierung) verfügbar sind und solchen, die erst nach einer Etablierungsphase bereitstehen. Neben den im folgenden erwähnten Markern wurde eine Reihe weiterer Marker entwickelt, die jedoch entweder nie zu einer Anwendung im Bereich der Pflanzen genetik kam bzw. deren Bedeutung spezielleren Fragestellungen zuzuordnen ist.

Marker, die *a priori* einsetzbar sind:

Isoenzyme (TANKSLEY AND ORTON 1983), RAPD (*random amplified polymorphic DNA*) (WILLIAMS ET AL. 1990), AFLP (*amplified fragment length polymorphism*) (VOS ET AL. 1995), Oligo-Fingerprinting (BEYERMANN ET AL. 1992).

Marker, die auf Vorarbeiten aufbauen: Klonierung, Sequenzierung

RFLP-Fingerprinting (JEFFREYS ET AL. 1985), single-copy RFLP (*restriction fragment length polymorphism*) (BECKMANN AND SOLLER 1983), SSR (Mikrosatellitenmarker) (*simple sequence repeat*) (MORGANTE AND OLIVIERI 1993)

3 Welche Information liefern Marker?

Biochemisch-genetische Marker sollten fehlerfreie Ergebnisse liefern, sie sollten vollständige Penetranz zeigen, locuspezifisch und ontogenetisch stabil sein. Daneben muß zwischen dominanten Markern und kodominanten Markern unterschieden werden. Dominante Marker weisen an jedem Locus nur ein Allel positiv nach (eine Bande), während alle anderen möglichen Allele durch die Abwesenheit der Bande (Nullallele) angezeigt werden. Kodominante Marker weisen im günstigsten Fall alle möglichen Allele positiv sichtbar als Bande nach. Dominante Marker erfüllen nicht immer die Voraussetzungen für eine phänetische Analyse (SWOFFORD AND OLSEN 1990; LYNCH 1990). Dementsprechend weisen kodominante Marker den höchsten Informationsgehalt auf, da bei dominanten Markern der heterozygote Genotyp nicht nachweisbar ist. Werden jedoch ausschließlich homozygote Objekte untersucht, ist dieser Unterschied ohne Belang. Eine Zwischenstellung nehmen AFLP-Marker ein, die in vielen Fällen monoallelisch-kodominant sind, d.h. im Vergleich eines für das Bandenallel homozygoten Locus mit einem heterozygoten Locus ist im Phänotyp eine stärker geschwärzte Bande für den homozygoten Locus zu erkennen. Die Beschreibung genetischer Diversität sollte auf eine repräsentative Auswahl genetischer Marker aufbauen. Neben der zu bestimmenden Anzahl an Markern ist zu prüfen, ob die Marker eine repräsentative Verteilung über das Genom aufweisen.

Offen sind die Fragen, ob eine zufällige Auswahl oder eine repräsentative Auswahl entsprechend einer genetischen Kartierung der Marker genügt, und ob die Abweichung der genetischen von der physikalischen Lokalisation auf dem Genom von signifikanter Bedeutung ist.

4 Die Fragestellung und das Objekt

Polyploide Arten stellen erhöhte Anforderungen an die Qualität und den Informationsgehalt der verwendeten Marker. Aufgrund der höheren Anzahl Allele je Locus sollte grundsätzlich erwogen werden, nur kodominante Marker mit einfach auszuwertenden Bandenmustern zu verwenden. Die Genomgröße und die Anzahl Chromosomen sollten bei der Planung für die Anzahl zu untersuchender Marker berücksichtigt werden. Ideal ist es, wenn eine repräsentative Auswahl bereits genetisch kartierter Marker verwendet werden kann. Weiterhin ist die Populationsstruktur des zu untersuchenden Objektes von Bedeutung. Bei homogenen Populationen genügt es, eine Pflanze oder zur Sicherheit eine Mischprobe aus mehreren Pflanzen zu untersuchen, während z.B. offen bestäubte, heterogene Populationen immer als repräsentative Stichprobe untersucht werden müssen. Im letzteren Fall sind Marker zu bevorzugen, die einfach, kostengünstig und schnell die Analyse hoher Stichprobenumfänge ermöglichen.

Ist es von Interesse, vorrangig die Allelvielfalt in einer Stichprobe zu ermitteln, können Mischproben analysiert werden. Hierzu können Blattproben verschiedener Pflanzen einer Abstammung gemischt werden, oder aber es werden Einzelpflanzen-DNAs in gleichen Teilen zu einer Gesamt-DNA-Probe vereint. Die optimale Anzahl Pflanzen je Mischprobe hängt hierbei von der Detektionsgrenze des Markers ab. Diese liegt häufig bei ca. 10 Pflanzen je Mischprobe (MICHELMORE ET AL. 1991). Müssen allerdings die Allelfrequenzen ermittelt werden, so ist es bei heterogenen Abstammungen notwendig, eine größere Anzahl an Einzelpflanzen zu analysieren. Hierbei ist auch zu bedenken, daß die verwendeten Marker kodominant auswertbar sein sollten. Es wurden jedoch inzwischen biometrische Verfahren entwickelt, die eine differenzierte Populationsanalyse (Gen- und Genotypenfrequenzen, Heterozygotie, Inzuchtkoeffizienten, Verwandtschaftsbeziehungen) auch mit dominanten Markern ermöglichen (REEVE ET AL. 1992; LYNCH UND MILLIGAN 1994; TRAVIS ET AL. 1996). Sind Freilandstichproben geplant, ist ggf. die geographische Verbreitung und die Migration zwischen den Populationen zu berücksichtigen. Populationen, die in engem genetischen Austausch (Genfluß) stehen, lassen sich in der Regel nur über Allelfrequenzdifferenzen gegeneinander abgrenzen.

5 Vor- und Nachteile ausgewählter molekularer Marker

Die Effizienz eines Markersystems zur Beschreibung der genetischen Diversität erschöpft sich meist nicht in der Schnelligkeit und den Kosten je Informationseinheit. Wesentlich ist, daß der Informationsgehalt des Markers der Fragestellung entspricht und der notwendige Stichprobenumfang bearbeitbar bleibt. Unter dieser Prämisse werden im folgenden die z.Z. am häufigsten angewendeten molekularen Marker verglichen und die Vor- und Nachteile für bestimmte Anwendungen herausgestellt. In Tabelle 1 ist eine kurze Übersicht mit Bewertungen zu einzelnen Effizienzkriterien für einen Vergleich der am häufigsten angewandten Methoden zur phänetischen Analyse gegeben. Einen schnellen Einstieg in die Methodik

der hier erwähnten molekularen Marker bieten NEWTON AND GRAHAM (1994) sowie PRIMROSE (1996).

Tab. 1: Vor- und Nachteile der zur Zeit am häufigsten angewandten Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität

Tab.1: Advantages and disadvantages of some currently used methods of measuring genetic diversity

Methode / Marker	Polymorphiegrad	Proben-durchsatz	Anzahl Loci pro Test / Locuspez.	Reproduzierbarkeit	Vererbungsmodus	Aufwand Technik / Zeit
Morphologie	gering	hoch	gering / hoch	mittel	qualitativ / quantitativ	gering / gering
Pedigree-Analyse	mittel	-	- / -	gut	-	gering / gering
Isoenzyme	gering / mittel	hoch	gering / hoch	gut	kodominant	gering / gering
Oligo-Fingerprint	hoch	gering	hoch / mittel	mittel	dominant	hoch / mittel
RFLP-Fingerprint	hoch	gering	hoch / mittel	gut	dominant	hoch / mittel
RFLP, single-copy	mittel	gering	gering / hoch	gut	kodominant	hoch / hoch
RAPD	hoch / mittel	hoch	hoch / mittel	gering / mittel	dominant	gering / gering
AFLP	hoch / mittel	hoch	hoch / mittel-hoch	mittel-gut	überwiegend kodominant	hoch / gering
SSR	hoch	hoch	gering / hoch	gut	kodominant	hoch / mittel

Verändert nach: <http://web.icppgr.fao.org/ITCPGR/96.3/ann1.html>

5.1 RFLP-Marker

Für fast alle wichtigen Kulturarten sind inzwischen sowohl single-copy als RFLP-Marker als auch multi-copy RFLP-Fingerprint-Marker allgemein verfügbar. Dadurch entfällt die zeit- und kostenintensive Klonierung und Selektion zur Bereitstellung der Marker. Zu bedenken ist jedoch der hohe Aufwand für die Erstellung der Southern-Blots. Große Stichproben sind daher mit diesen Markern kaum zu bewältigen. Dies gilt in geringerem Umfang für RFLP-Fingerprint-Marker, da diese in einer Hybridisierung bereits eine große Anzahl polymorpher Loci nachweisen können. Ideal ist der Einsatz von

single-copy RFLP-Markern für kleine Stichproben mit Schwerpunkt auf der kodominanten Auswertung. Entsprechend der Fragestellung kann es von entscheidender Bedeutung sein, daß RFLP-Marker locuspezifisch sind (und dies auch meist über Arten hinaus!) und eine sehr gute Reproduzierbarkeit aufweisen.

5.2 RAPD-Marker

Die Entdeckung der PCR (*polymerase chain reaction*) (MULLIS AND FALOONA 1987) war für die Anwendung molekularer Marker von ganz besonderer Bedeutung. Durch die Nutzung der PCR ist es möglich geworden, große Stichproben in kurzer Zeit und zu vertretbaren Kosten zu analysieren. RAPD-Marker zeichnen sich nicht nur dadurch aus, daß sie schnell und kostengünstig anzuwenden sind, es sind auch keine größeren Anschaffungen oder Vorarbeiten notwendig. Ein ganz wesentlicher Nachteil ist jedoch die geringe Locusspezifität, wenn weiter entfernt verwandte Objekte verglichen werden. Dadurch ist das Hauptanwendungsgebiet der RAPD-Marker auf Populationsanalysen innerhalb einer Art beschränkt bzw. bei Populationsanalysen nahe verwandter Arten mit Unsicherheit behaftet. Da RAPD-Marker zu den dominanten Markern gehören, kann auch die Fehlerrate der Ergebnisse durch fälschlich negative Bonituren erhöht sein. Dies führte bald zu lebhaften Diskussionen über die Reproduzierbarkeit von RAPDs (HEDRICK 1992).

In Abb. 1 ist ein Beispiel für eine RAPD-Analyse gezeigt. Deutlich zu sehen ist das komplexe Bandenmuster, das hier mit nur einem RAPD-Primer erzeugt wird. In dieser schnellen und einfachen Analyse sind bereits alle gezeigten Wurzelzichoriensorten (*Cichorium intybus* L. var. *sativum*) eindeutig zu unterscheiden. Schwierig wird jedoch die visuelle Bonitur der Banden, insbesondere der feinen, weniger intensiven Banden.

Bei RAPD-Analysen sind immer wieder einzelne Bandenpositionen zu beobachten, die in ihrer Bandenintensität unabhängig vom Genotyp schwanken. Hier in diesem Beispiel wird dieser Effekt noch durch die Verwendung von Mischproben verstärkt. Dadurch wird eine reproduzierbare visuelle Bonitur äußerst schwierig.

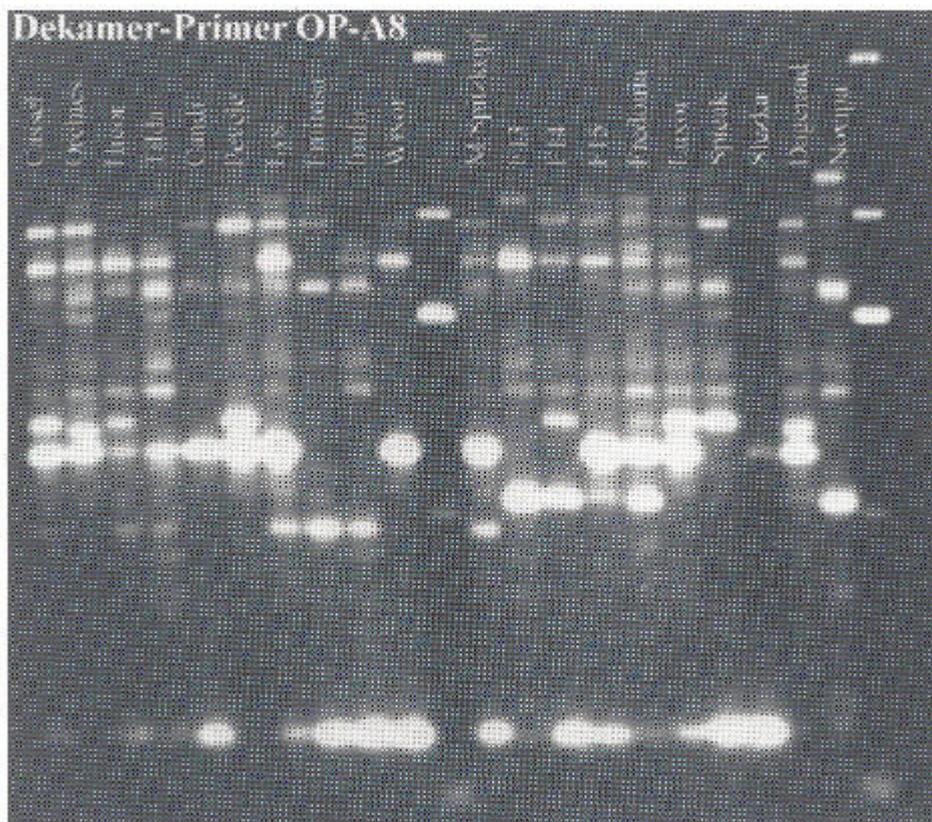


Abb. 1: DNA-Fingerprinting mit RAPDs
RAPD-Bandenprofile von 17 Wurzelzichoriensorten und drei Einzelpflanzen der Sorte Fredonia (F13, F14, F15). Blattproben von jeweils 4 - 8 Einzelpflanzen wurden vor der DNA-Extraktion gemischt. Der Operon-Dekamer-Primer A8 wurde verwendet

Fig. 1: DNA fingerprinting with RAPDs
 RAPD banding profiles of 17 chicory varieties and three individual plants of the variety Fredonia (F13, F14, F15). Leaf samples of each 4 - 8 single plants were pooled prior to DNA extraction. The Operon decamer primer A8 was used

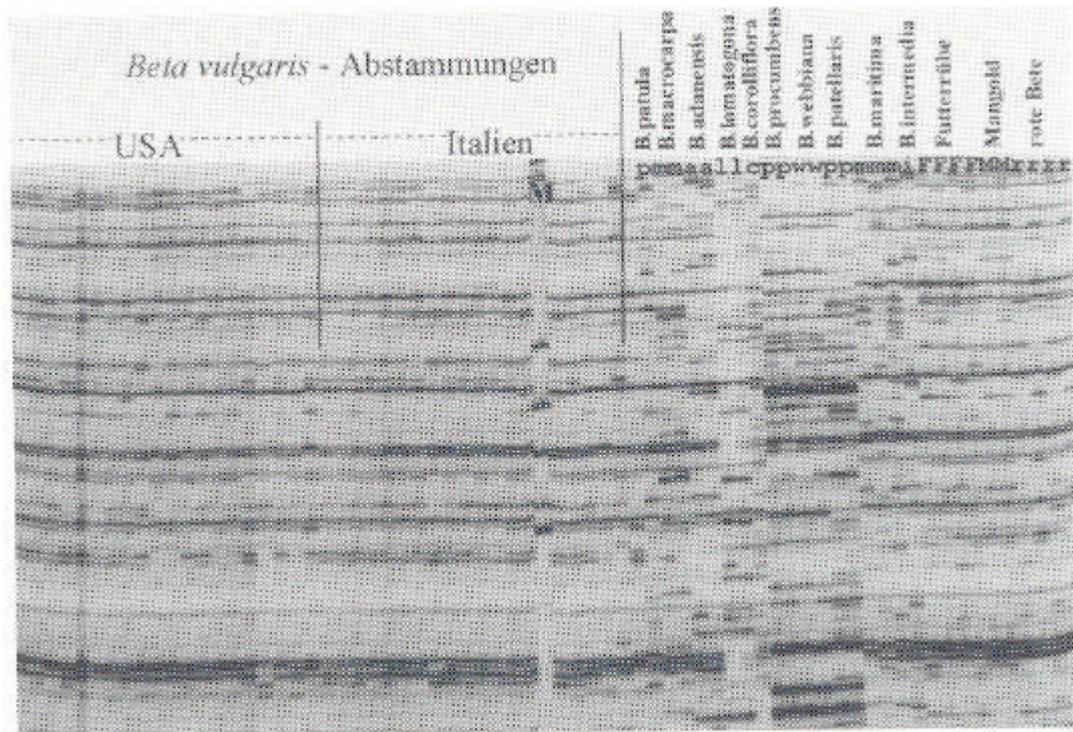


Abb. 2: DNA-Fingerprinting mit AFLPs

AFLP-Bandenprofile von Abstammungen der Gattung *Beta*. Blattproben von jeweils 50 Einzelpflanzen wurden vor der DNA-Extraktion gemischt. Bei den *Beta*-Wildarten wurden 2 - 25 Einzelpflanzen beprobt. Die Primer *EcoRI*+ *ACT*/*MseI*+*CAT* wurden verwendet

Fig. 2: DNA fingerprinting with AFLPs

AFLP banding profiles of accessions of the genus *Beta*. Leaf samples of each 50 single plants were pooled prior to DNA extraction. The *Beta* wild species were sampled with 2 - 25 single plants. The Primer *EcoRI*+*ACT*/*MseI*+*CAT* were used

5.3 AFLP-Marker

AFLP-Marker zeichnen sich gegenüber den RAPD-Markern durch eine deutlich bessere Reproduzierbarkeit aus. Von besonderem Vorteil ist die hohe Anzahl polymorpher Loci, die in einer Analyse nachgewiesen werden. Durchschnittlich werden bei Pflanzengenomen ca. 70 Banden mit einem Primerpaar erzeugt. Davon können, je nach Analyse, leicht bis zu 40 Loci polymorph sein. In Verbindung mit dem hohen Automatisierungsgrad, der durch die Verwendung von Mikrotiterplatten, Mehrkanalpipetten und DNA-Sequenziergeräten möglich ist, sind AFLP-Marker die zur Zeit effizientesten Marker. Nachteilig sind die hohen Investitionskosten für eine DNA-Sequenzierungseinheit

bzw. einen Fluoreszenzscanner. Diese Geräte können jedoch auch für DNA-Sequenzierungen bzw. für den Nachweis von SSR-Markern genutzt werden.

Die reinen verbrauchsabhängigen Kosten je AFLP-Datenpunkt sind sehr gering. Allerdings werden für kommerzielle Anwendungen Lizenzgebühren auf die Anwendung der AFLP-Technik erhoben. Zu hoffen ist, daß in nächster Zukunft spezielle, auf die Auswertung von AFLPs zugeschnittene Software zur Verfügung steht, mit deren Hilfe die Personalkosten drastisch reduziert werden und für manche Anwendungen auch die Qualität der Auswertung verbessert werden kann. Weiterhin ist noch zu beachten, daß in der phänetischen Analyse im Gegensatz zur Genomkartierung die AFLP-Marker aufgrund der komplexen AFLP-Bandenprofile meist nur dominant auswertbar sind.

5.4 SSR-Marker

Mikrosatelliten-Marker vereinen viele Vorteile in einem System. Sie sind locusspezifisch, single-copy, kodominant auswertbar, schnell, kostengünstig, gut reproduzierbar und sie weisen eine hohe Variabilität nach. Dies zeichnet die SSR-Marker als „ideale Marker“ für die phänetische Analyse aus. Nachteilig ist, daß noch nicht für alle Kulturarten SSR-Marker in breiten Umfang frei verfügbar sind und der effiziente Einsatz von SSR-Markern erst auf teuren DNA-Sequenziergeräten voll zum tragen kommt.

6 Schlußfolgerungen

Neben der grundsätzlich notwendigen Abwägung der für jeden Marker speziellen Vor- und Nachteile lassen sich doch eindeutige Tendenzen feststellen und Empfehlungen aussprechen. Klassische Hybridisierungstechniken werden zunehmend in den Hintergrund treten. Ungeachtet der vielen Vorteile der RFLP-Marker werden diese aufgrund des hohen Zeitaufwandes immer mehr durch PCR-gestützte Marker ersetzt. Aber auch die einfach und schnell anwendbaren RAPD-Marker überzeugen nicht wegen ihrer geringen Reproduzierbarkeit und der mangelnden Locusspezifität.

Ebenfalls stellen die mit viel Euphorie aufgenommenen AFLP-Marker keinen „idealen Marker“ für phänetische Analysen dar. Da AFLPs in phänetischen Analysen dominant ausgewertet werden, ist ihr Informationsgehalt für einige Fragestellungen zu gering. Darüber hinaus ist die Locusspezifität für vergleichende Analysen mit unterschiedlichen Arten nicht gesichert. Die Marker der Zukunft werden sicherlich SSRs sein. Diese stehen allerdings erst für wenige wichtige Kulturarten in ausreichender Zahl frei zur Verfügung. Dies wird sich jedoch in absehbarer Zeit ändern und gleichzeitig werden die Erfahrungen mit dieser Markerklasse für phänetische Fragestellungen zunehmen.

Für kleinere Labors sind sicherlich RAPD-Marker auch weiterhin erfolgreiche Werkzeuge zur phänetischen Analyse, während größere Labors auf AFLP- und SSR-Marker setzen werden.

Labors, die bereits umfangreich in die Automatisierung von RFLPs investiert haben, werden auch weiterhin diese Marker aufgrund ihres höheren Informationsgehaltes und der hohen Locuspezifität sinnvoll nutzen können. Gegliedert nach der Fragestellung bzw. der Stichprobengröße kommt die hohe Effizienz der AFLP-Marker besonders bei großen Stichproben bzw. bei der qualitativen Differenzierung einzelner Genotypen oder homozygoter Linien zum Tragen. Für phylogenetische Analysen, bei denen unterschiedlich weit verwandte Arten untersucht werden, ist der Vorteil der hohen Locuspezifität der RFLP-Marker von entscheidender Bedeutung. Geht es letztlich um die Nutzung der genetischen Variabilität durch Introgression, markergestützte Selektion oder Ausnutzung der advanced backcross QTL-Methode (TANKSLEY AND NELSON 1996), so werden in PCR-Marker umgewandelte RFLP- und AFLP-Marker bzw. SSR-Marker zum Einsatz kommen.

7 Literatur

- BECKMANN, J.S. AND M. SOLLER (1983): Restriction fragment length polymorphisms in genetic improvement: methodologies, mapping and costs. *Theor. Appl. Genet.* **67**, 35-43.
- BEYERMANN, B., P. NÜRNBERG, A. WEIHE, M. MEIXNER, J.T. EPPLEN AND T. BÖRNER (1992): Fingerprinting plant genomes with oligonucleotide probes specific for simple repetitive DNA sequences. *Theor. Appl. Genet.* **83**, 691-694.
- HEDRICK, P. (1992): Shooting the RAPDs. *Nature* **355**, 679-680.
- JEFFREYS, A.J., V. WILSON AND S.L. THEIN (1985): Hypervariable minisatellite regions in human DNA. *Nature* **314**, 67-73.
- LYNCH, M. (1990): The similarity index and DNA-fingerprinting. *Mol. Biol. Evol.* **7**, 478-484.
- LYNCH, M. AND B.G. MILLIGAN (1994): Analysis of population genetic structure with RAPD markers. *Molecular Ecology* **3**, 91-99.
- MICHELMORE, R.W., I. PARAN AND R.V. KESSELI (1991): Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **88**, 9828-9832.
- MORGANTE, M. AND A.M. OLIVIERI (1993): PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *Plant Journal* **3**, 175-182.
- MULLIS, K.B. AND F.A. FALOONA (1987): Specific synthesis of DNA in vitro via the polymerase catalyzed reaction. *Methods in Enzymology* **255**, 335-350.
- NEWTON, C.R. UND A. GRAHAM (1994): PCR. Heidelberg: Spektrum, Akad. Verl.
- PRIMROSE, S.B. (1996): Genomanalyse. Heidelberg: Spektrum, Akad. Verl.
- REEVE, H.K., D.F. WESTNEAT AND D.C. QUELLER (1992): Estimating average within-group relatedness from DNA fingerprints. *Molecular Ecology* **1**, 223-232.

Selektion auf die Malzqualität der Gerste mittels molekularer Marker

Selection for malting quality in barley by means of molecular markers

Max Baumer¹, A. Kipp¹ und G. Schweizer¹

Zusammenfassung

Die Selektion auf Malzqualität der Braugerste nutzte jahrelang nur die Unterschiede in Kornqualität und Rohproteingehalt. Erst seit 1992 werden die großtechnischen Erfahrungen in Mikro- oder Kleinmälzungsanlagen mit Eignung zur Zuchtstammselektion umgesetzt. Nachdem dafür 200-250 g gereinigtes Erntegut erforderlich, konnte die Selektion auf Malzqualität i.d.R. erst am Ende der Evaluierungsarbeiten, frühestens am Erntegut der F6 bis F7 durchgeführt werden. Auf dem Weg bis zur F7 ging vermutlich ein Großteil qualitativ wertvollen Zuchtmaterials verloren. Um in früheren Generationen schon differenzieren zu können, wurde schließlich die Nahinfrarot-Transmissions-Spektroskopie eingeführt, die kein Material verbraucht und zuverlässige Informationen über das Extraktleistungsvermögen liefert. Die Vorselektion durch Malzhärteprüfung mit dem Brabender hat wegen guter Korrelationen zu allen bedeutenden Malzqualitätsparametern die Selektionsintensität und -sicherheit enorm erhöht. Trotzdem stören bedeutende Wechselwirkungen zwischen Genotyp und Umwelt die Wiederholbarkeit der Qualitätsbewertung, dies umso mehr, als die meisten Züchter nur über einen Standort mit frühen Generationen verfügen. Abhilfe könnte dabei nur eine von Wechselwirkungen zwischen Genotyp und Umwelt nicht beeinträchtigte Methode bringen, wie sie die markergestützte Selektion verspricht.

Der Einsatz von unterschiedlichen molekulargenetischen Techniken (RFLP, RAPD, Mikrosatelliten, AFLP, Hordein-Marker) hat Ansatzpunkte für die Existenz einer Reihe quantitativer Loci (QTL) gebracht. Es konnten für alle bedeutenden Malzqualitätsparameter mehrere QTL nachgewiesen werden, die zusammen 16 - 50% der genetischen Varianz in der verwendeten .Alexis x Steina - Population. erklären. Die wichtigsten Malzqualitätskriterien Extrakt und Endvergärung hatten mangels genetischer Unterschiede in der .Alexis-Steina - Population. eine geringe Heritabilität. Die geringe partielle phänotypische Varianz, bei der der Einfluß anderer QTL konstant gehalten wird, weist auf Wechselwirkungen mit den proteolytischen und zytolytischen Eigenschaften hin. Es liegen bislang noch keine Kenntnisse vor, ob die gefundenen QTL auf andere Populationen übertragbar sind. Wenn dies der Fall ist, kann die markergestützte Selektion eine wertvolle Entscheidungshilfe bei der Auswahl von Kreuzungseltern sein (Nutzung von Transgressionslinien). Wann und in welcher Generation Marker als Hilfsmittel für die Selektion auf Malzqualität einsetzbar sind, wird von der Preiswürdigkeit und Konkurrenzfähigkeit zu den klassischen Vorselektionsverfahren abhängen.

Einsatz von modernen Methoden zur Beschreibung der genetischen Diversität am Beispiel von Gräsern

The use of modern methods for the description of genetic diversity - a case study on forage grasses

ULF FEUERSTEIN¹

Zusammenfassung

Der Einsatz von modernen Methoden zur Beschreibung der genetischen Diversität ist in den fremdbefruchtenden Futterpflanzen weitaus aufwendiger als in den Artengruppen Getreide oder Raps. Der Einsatz von modernen Methoden in den Genbanken kann keine ausführliche morphologische Charakterisierung ersetzen. Der Einsatz einer modernen Methode macht für die Nutzung nur Sinn, wenn ein möglichst großes Spektrum der Sammlungen durch die Methode charakterisiert wird und wenn Methoden verwendet werden, die Bestand haben und über die Labore standardisiert sind. Die praktische Futterpflanzenzüchtung nutzt moderne Methoden zur Beschreibung der genetischen Diversität bisher wenig, da die einzelnen Populationen der bearbeiteten Arten hochgradig genetisch divers sind und ein Informationsgewinn nur mit Hilfe eines sehr großen Aufwandes zu erzielen ist.

Summary

The use of modern methods for the description of genetic diversity in the group of outcrossing forage plant species is by far more complex as in the species of cereals and rape seeds. The use of modern methods in genebanks cannot replace a detailed morphologic characterisation. The use of modern methods is only useful for breeders if a wide spectrum of the collections is being characterised with one method, and if methods are used which will last for a longer period and which are standardised over the labs. Up to now in practical forage breeding the modern methods are not very much in use for the description of genetic diversity because the populations of the different species are highly genetically divers and a gain of information can only be achieved by a very great input.

¹ DSV Lippstadt
Hof Steimke
27330 Asendorf

1 Einleitung

Um es vorweg zu nehmen: Die Bedeutung der von Dr. Koch und Prof. Wehling vorgestellten Methoden für den Bereich der Gräser ist bisher verhältnismäßig gering. Anfang September fand in der Schweiz die diesjährige EUCARPIA-Konferenz der Sektion Futterpflanzen statt. Von den 64 Beiträgen beschäftigten sich nur 4 direkt mit modernen Methoden, 4 weitere nutzten die modernen Methoden als Hilfsmittel am Rande und 56 Beiträge befaßten sich mit anderen Themenbereichen.

Worin unterscheiden sich die Gräser von Getreide und Raps? Die Futterpflanzen werden im Gegensatz zu den Getreiden und zum Raps erst sehr kurz züchterisch bearbeitet. Die eigentliche Futterpflanzenzüchtung begann in den zwanziger Jahren dieses Jahrhunderts. Bei einigen Arten blicken wir daher heute auf 50 Generationen, bei anderen erst auf 20 Generationen züchterische Bearbeitung zurück. Bei den Getreiden dagegen findet eine Selektion seit vielen tausend Jahren statt. Die Futterpflanzen sind aus diesem Grund noch viel näher am Wildmaterial als Getreide oder Raps. In der Futterpflanzenzüchtung wird daher sehr intensiv auf die genetischen Ressourcen zurückgegriffen. Viele Züchter nutzen nicht nur das Material in den Genbanken, sondern führen auch eigene Sammlungen durch. In dieser Stellungnahme sollen vier Aspekte betrachtet werden, die mir im Zusammenhang mit modernen Methoden wichtig erscheinen.

Aspekte im Zusammenhang mit modernen Methoden zur Beschreibung der genetischen Diversität bei Futterpflanzen:

- Die genetische Struktur der fremdbefruchtenden Futterpflanzen
- Umfänge von Futterpflanzen-Genbankmaterial in Europa
- Nutzen von modernen Methoden
- Beispiele aus Wissenschaft und Praxis.

2 Die genetische Struktur der fremdbefruchtenden Futterpflanzen

Zur Beurteilung der Anwendung der vorgestellten Methoden muß man sich die genetische Struktur der Gräser vergegenwärtigen. Bei unseren heimischen Gräsern handelt es sich außer bei der Wiesenrispe, die sich überwiegend apomiktisch fortpflanzt, um Fremdbefruchter. HAMRICK UND GODT (1989) haben in einem Übersichtsartikel die Allozymdiversität in Pflanzenarten zusammengestellt. Sie haben dazu 653 Studien ausgewertet. Bemerkenswert ist die Gegenüberstellung von Fremdbefruchtern und Selbstbefruchtern (Tab. 1).

Tab. 1: Genetische Struktur bei Pflanzenarten(nach HAMRICK UND GODT 1989)

Tab. 1: Genetic Structure in plant species

Selbstbefruchter	partielle Selbstbefruchter (Insektenbestäubung)	Fremdbefruchter (Windbestäubung)
Genetische Diversität zwischen Populationen:		
51 %	22 %	10 %
Polymorphe Loci innerhalb Populationen:		
20 %	29 %	50 %

In der Tabelle 1 werden zwei Aspekte dargestellt. Zum einen eine Betrachtung zwischen den Populationen einer Art und zum anderen eine Betrachtung innerhalb der einzelnen Populationen. Bei den Selbstbefruchtern findet sich der größte Teil der genetischen Diversität zwischen den Populationen. Die Fremdbefruchter, deren Pollenausbreitung durch den Wind geschieht, zu denen auch die Gräser gehören, zeichnen sich dadurch aus, daß sie den größten Teil ihrer genetischen Diversität innerhalb der Populationen aufweisen. Dies kommt auch zum Ausdruck, wenn man die Strukturen innerhalb von Populationen untersucht. Bei den Selbstbefruchtern haben wir es nur mit 20% polymorpher Loci zu tun, bei den Fremdbefruchtern dagegen immerhin mit 50%. Die partiellen Selbstbefruchter bewegen sich mit ihren Werten zwischen den beiden Befruchtungssystemen.

Aus diesen Werten ergibt sich, daß Selbstbefruchter und Fremdbefruchter bei der Nutzung der vorgestellten Methoden unterschiedlich zu behandeln sind. Da sich bei den Fremdbefruchtern schon 90 % der genetischen Diversität innerhalb der Populationen finden läßt, ist der Gewinn an genetischer Diversität bei Hinzunahme neuer Populationen relativ gering.

Die genetischen Distanzen sind daher erfahrungsgemäß bei den Fremdbefruchtern viel geringer als bei den Selbstbefruchtern. Aus der genetischen Struktur der Futterpflanzen ergibt sich, daß wir für die Beschreibung einer Population eine ungleich größere Anzahl von Genotypen untersuchen müssen als bei den Selbstbefruchtern. Um die einzelnen Futterpflanzenpopulationen wirklich sicher und gut zu differenzieren, sind nach Prof. Kobabe 200 Genotypen erforderlich. Andere Wissenschaftler gehen von geringeren Umfängen aus. Wie groß die Umfänge letztendlich sein müssen, hängt auch von der Fragestellung und von der angewendeten Methode ab. In jedem Fall muß eine ungleich größere Anzahl von Pflanzen untersucht werden als bei den Selbstbefruchtern, bei denen man mit wenigen Pflanzen auskommt.

3 Umfänge von Futterpflanzen-Genbankmaterial in Europa

Wie bei den anderen Fruchtarten gibt es auch bei den Gräsern in den europäischen Genbanken umfangreiche Akzessionen. In der Tab. 4 sind die wichtigsten Sammlungen für die wichtigsten Arten nach Ländern aufgeführt. Zusammen mit den weniger bedeutenden Arten dürften sich somit gut 100.000 Akzessionen von Futterpflanzen in den europäischen Genbanken befinden.

Tab. 2: Anzahl Akzessionen von Futterpflanzen in den europäischen Genbanken

Tab. 2: Number of Akzessions of forage plants in European genebanks

Land	<i>Trifolium</i>	<i>Medicago</i>	<i>Vicia</i>	<i>Lolium</i>	<i>Festuca</i>	<i>Phleum</i>	<i>Poa</i>	<i>Dactylis</i>	Summe
Polen	246	20	0	2.200	3.481	2.468	2.301	5.882	16.598
Rußland	3.692	2.950	0	732	1.856	1.267	626	1.088	12.211
Deutschland	1.549	1.259	1.938	2.135	1.522	886	652	1.268	11.209
Frankreich	801	2.870	3.662	1.952	553	58	72	651	10.619
Italien	2.275	2.383	2.211	716	343	65	62	444	8.499
UK	920	109	2.173	2.484	1.236	129	103	947	8.101
Sonstige	7.560	5.094	5.380	3.383	3.082	936	1.422	2.481	29.338
Summe	17.043	14.685	15.364	13.602	12.073	5.809	5.238	12.761	96.575

Multipliziert man die Anzahl an Akzessionen mit der erforderlichen Anzahl an Genotypen, so erhält man eine Vorstellung über die zu bewältigenden Arbeitsumfänge (Tab. 3).

Ausgehend von etwa 100.000 Akzessionen an Futterpflanzen in Europa müßten, wenn man je Akzession nur 100 Genotypen untersucht, ca. 10.000.000 Genotypen untersucht werden. Bei Anwendung von Isozymtechniken ließen sich in einem Labor u.U. 1.000 Genotypen am Tag untersuchen, d.h. für die Untersuchung aller Akzessionen wären 10.000 Tage oder 50 Jahre erforderlich. Noch aufwendiger wäre eine Untersuchung mit Hilfe von DNA-Techniken. Hier würde eine Untersuchung aller Genotypen ca. 500 Jahre in Anspruch nehmen. Es erscheint mir daher in diesem Kreis wichtig, hervorzuheben, daß wir vor allem solche modernen Methoden benötigen, die es ermöglichen, innerhalb einer sehr kurzen Zeit über eine große Anzahl an Genotypen eine große Menge an Informationen zu liefern. Besonders wichtig erscheint mit eine Optimierung der Arbeitsabläufe in den Labors bzw. eine Automatisierung der Methoden.

Tab. 3: Erforderliche Arbeitsumfänge für die Beschreibung der europäischen Futterpflanzen-Akzessionen mit modernen Methoden

Tab. 3 : Required amount of work for the description of the European accessions of forage plants with modern methods

100.000	Akzessionen Futterpflanzen in Europa	
100	Untersuchungen je Akzessionen	
10.000.000	Genotypen	
Isozyme		
1.000 Genotypen/Tag	= 10.000 Tage	= 50 Jahre
DNA-Techniken		
100 Genotypen/Tag	= 100.000 Tage	= 500 Jahre

4 Nutzen von modernen Methoden

4.1 Suche nach Duplikaten

Die Umfänge der Sammlungen in den Genbanken nehmen laufend zu. Die Erhaltung und Nutzbarmachung wird dadurch immer schwieriger. Es ist daher verständlich, daß Anstrengungen unternommen werden, die Sammlungen zu sichten, ob eventuell Duplikate vorkommen. Die modernen Methoden können dabei unter Umständen Hilfestellung leisten, da mit ihrer Hilfe eine eindeutige Identifizierung und Charakterisierung durchgeführt werden kann. Bei den Fremdbefruchtern ist da aber nicht sehr viel zu erwarten. Bei Durchsicht der europäischen Futterpflanzensammlungen dürften sich zwar einige Sorten finden, die gleichzeitig in verschiedenen Sammlungen vorhanden sind, solche Duplikate lassen sich aber auch durch ein gutes Computerprogramm auffinden.

Andere Duplikate dürfte es nicht viele geben, da jede Akzession, die auf eine Wildpopulation zurückgeht, sich aufgrund der genetischen Struktur der Arten von allen anderen Akzessionen unterscheidet.

4.2 Charakterisierung von Sammlungsmustern

Eine Charakterisierung der Sammlungsmuster erfolgt traditionell mit Hilfe von morphologischen Merkmalen. Moderne Methoden können eine solche Charakterisierung ergänzen, keinesfalls ersetzen.

Statements zur Anwendung der vorgestellten Methoden in der züchterischen Praxis bei Gräsern

Eine Charakterisierung ist für die Züchtung dann besonders wertvoll, wenn sie einheitlich an einen großen Teil der gesamten Sammlung durchgeführt worden ist. Die Erfahrungen zeigen, daß dabei eine Standardisierung der einzelnen Labore von großer Bedeutung ist (BALFOURIER ET AL., 1994), da es sonst auch bei gleichen Methoden zu unterschiedlichen Ergebnissen kommen kann.

Die Futterpflanzenzüchter sind sich einig, daß eine Charakterisierung, die sich auf wenige Merkmale beschränkt, aber möglichst eine komplette Sammlung abdeckt, wesentlich wertvoller ist als eine sehr umfangreiche Charakterisierung für einen sehr kleinen Ausschnitt aus der Gesamtsammlung. Dies gilt auch für den Einsatz modernen Methoden. Eine gezielte Nutzung der genetischen Ressourcen ist nur dann möglich, wenn möglichst alle Sammlungen komplett mit einer modernen Methode charakterisiert werden. Eine sehr gute internationale Zusammenarbeit erscheint uns daher von großer Bedeutung.

Sammlungen in Genbanken sind, wenn schon nicht für Dauer, so doch zumindest für längere Zeiträume ausgelegt. Es erscheint daher von großer Bedeutung, daß auch Methoden für die Charakterisierung eingesetzt werden, die über einen längeren Zeitraum in der Praxis Verwendung finden werden. Diese Methoden sollten sich sicher reproduzieren lassen und nach Möglichkeit auch ohne Schwierigkeiten von einem Labor ins andere übertragen lassen. Zukünftige Finger-print-Techniken, bei denen auch Mischproben von mehreren Genotypen verarbeitet werden können, versprechen für die Zukunft große Arbeitserleichterungen. Dieser Bereich ist bisher aber bei den Gräsern wenig untersucht, so daß sich hier ein Forschungsprojekt anbieten würde.

5 Beispiele aus Wissenschaft und Praxis

Umfangreiche Arbeiten auf dem Gebiet der Charakterisierung von *Lolium* mit Hilfe von Allozymen wurden in den Niederlanden von Brigitta Loos am CPRO-DLO durchgeführt. Loos (1994) untersuchte an 60 *Lolium*-Populationen 5 Allozyme. Aus den Ergebnissen berechnete sie die genetischen Distanzen nach Manhattan.

Die Abbildung 1 zeigt, daß die europäischen Populationen über das gesamte Plot hinweg verteilt sind. Die niederländischen und deutschen Populationen sind zwar voneinander getrennt, befinden sich aber alle in einem engen Bereich in der Abbildungsmitte. Diese Populationen sind demnach eng miteinander verwandt. Für die Populationen der übrigen europäischen Länder lassen sich keine solchen engen Verwandtschaften untereinander feststellen.

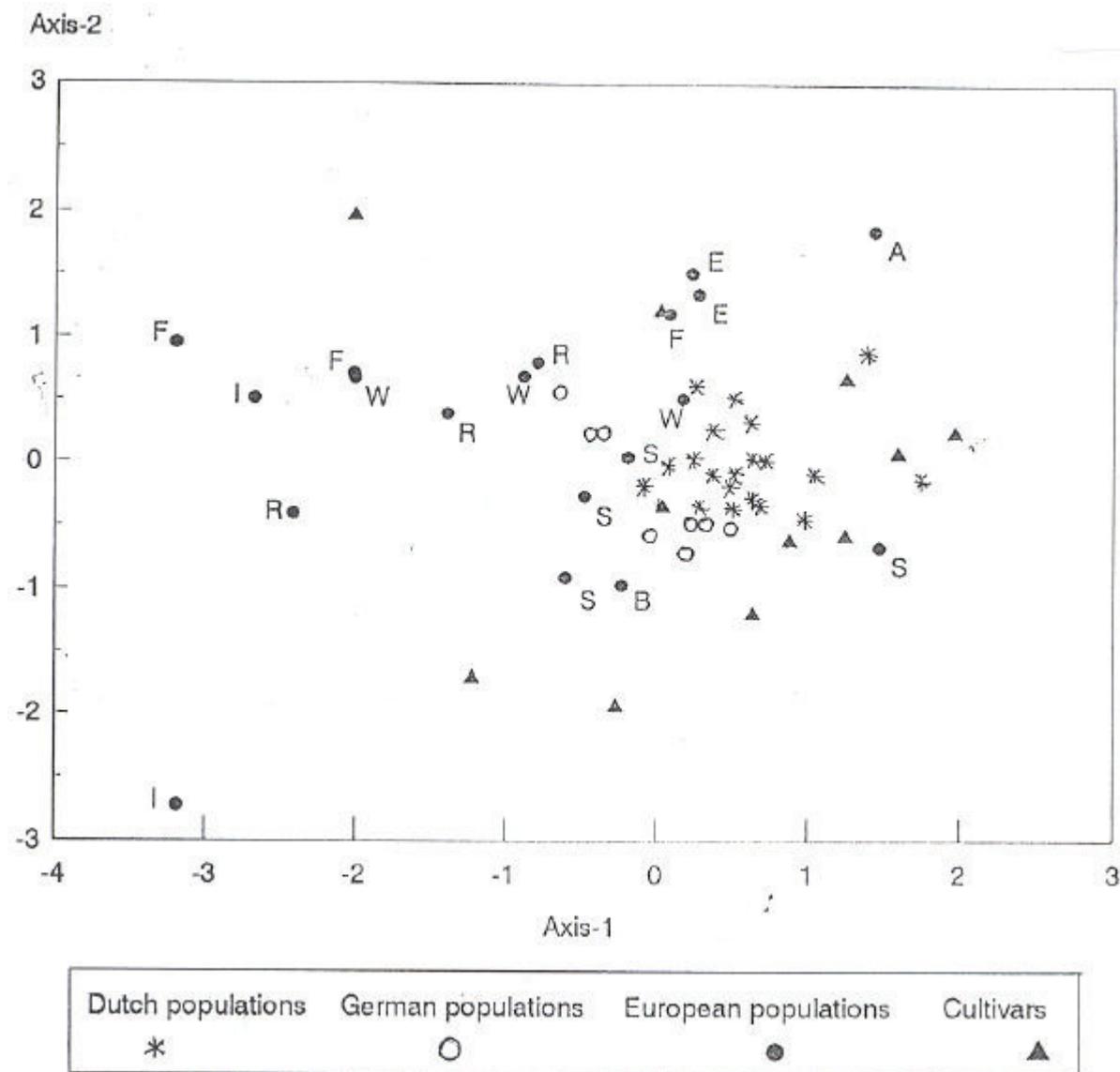


Abb. 1: Ein auf den Manhattan-Distanzen beruhender Scatterplot von 60 *Lolium perenne*-Populationen (Loos, 1994)

Fig. 1: Scatterplot of 60 *L. perenne* populations, based on the Manhattan distances calculated from the allelic frequencies for five allozymes.

Das Projekt von Frau Dr. Loos wurde im Rahmen der deutsch-niederländischen Zusammenarbeit durchgeführt. Gleichzeitig bearbeitete Frau Dr. Oetmann in Deutschland ein Projekt zur Untersuchung zur intraspezifischen phänotypischen Variabilität autochtoner Weidelgraserkünfte (*Lolium perenne* L.) und ihre Bedeutung für die Erhaltung wertvoller Standorte vor Ort (*in situ*) (OETMANN 1994). Auch in diesem Projekt wurden genetische Distanzen berechnet.

An 9 Populationen aus Norddeutschland, Hessen und Bayern untersuchte sie bei 5 Allozymen, von denen nur 4 sich als heterozygot erwiesen, jeweils 60 Pflanzen und kam zu dem folgenden Ergebnis (Abb. 2).

Eine dritte Arbeit zu diesem Thema soll hier noch vorgestellt werden. Die DSV hat zwischen 1992 und 1995 ein GFP-Projekt zur Erzeugung standortgerechter, zur Ganzpflanzenverbrennung geeigneter Gräser für die Nutzung als nachwachsende Rohstoffe (1995) durchgeführt. Ausgehend davon, daß für die Ganzpflanzenverbrennung Typen erforderlich sind, die von den gängigen in der Rasen- und Futtergräserzüchtung vorkommenden Typen abweichen, wurden mehrere hundert Akzessionen aus zahlreichen Genbanken evaluiert. Es wurden schließlich 5 Ökotypen ausgesucht, 4 aus Deutschland, einer aus Frankreich, die mit aktuellem Zuchtmaterial mit der Hilfe von 5 Allozymen verglichen wurden. Das Ergebnis ist in Abbildung 3 dargestellt:

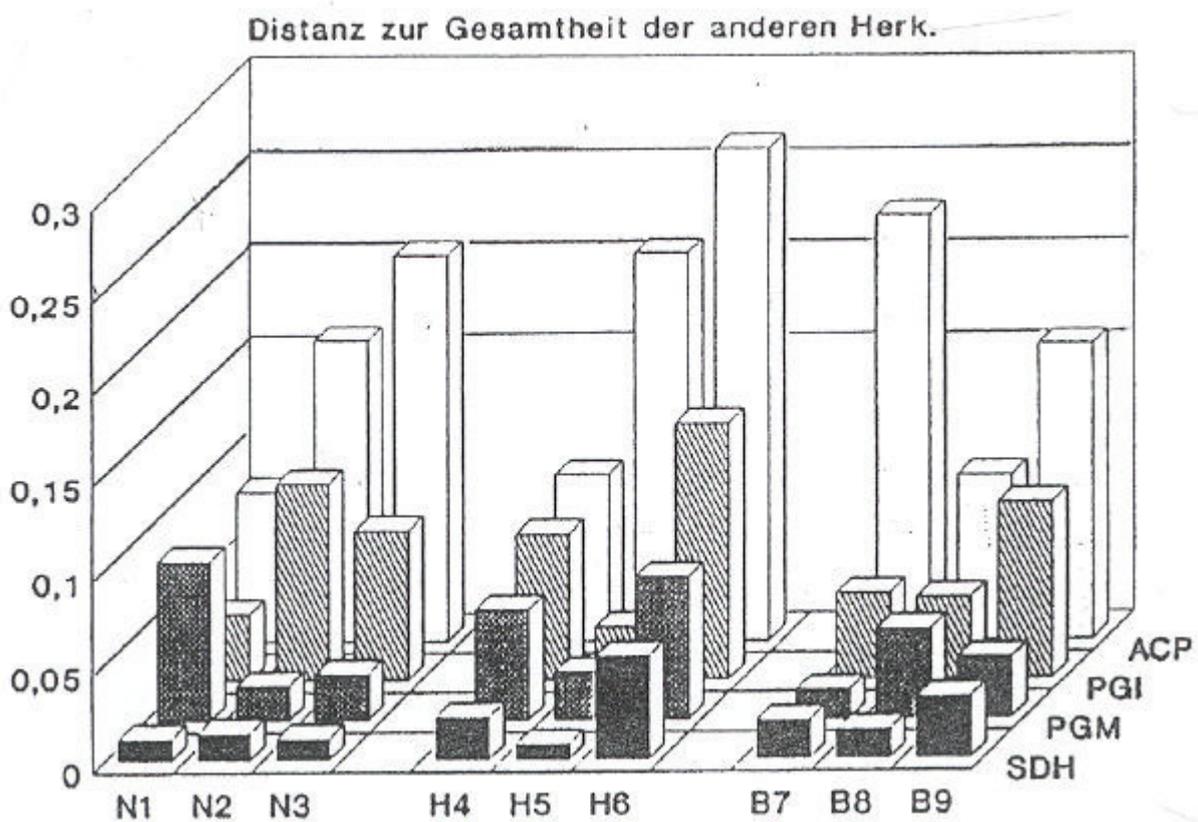


Abb. 2: Genetische Distanz jeder Pflanzengruppe zur Gesamtheit der restlichen acht Herkünfte an vier Genloci (OETMANN 1994)

Fig. 2: Genetic distance of every group of plants to the totality of the remaining eight populations from the allelic frequencies for four allozymes

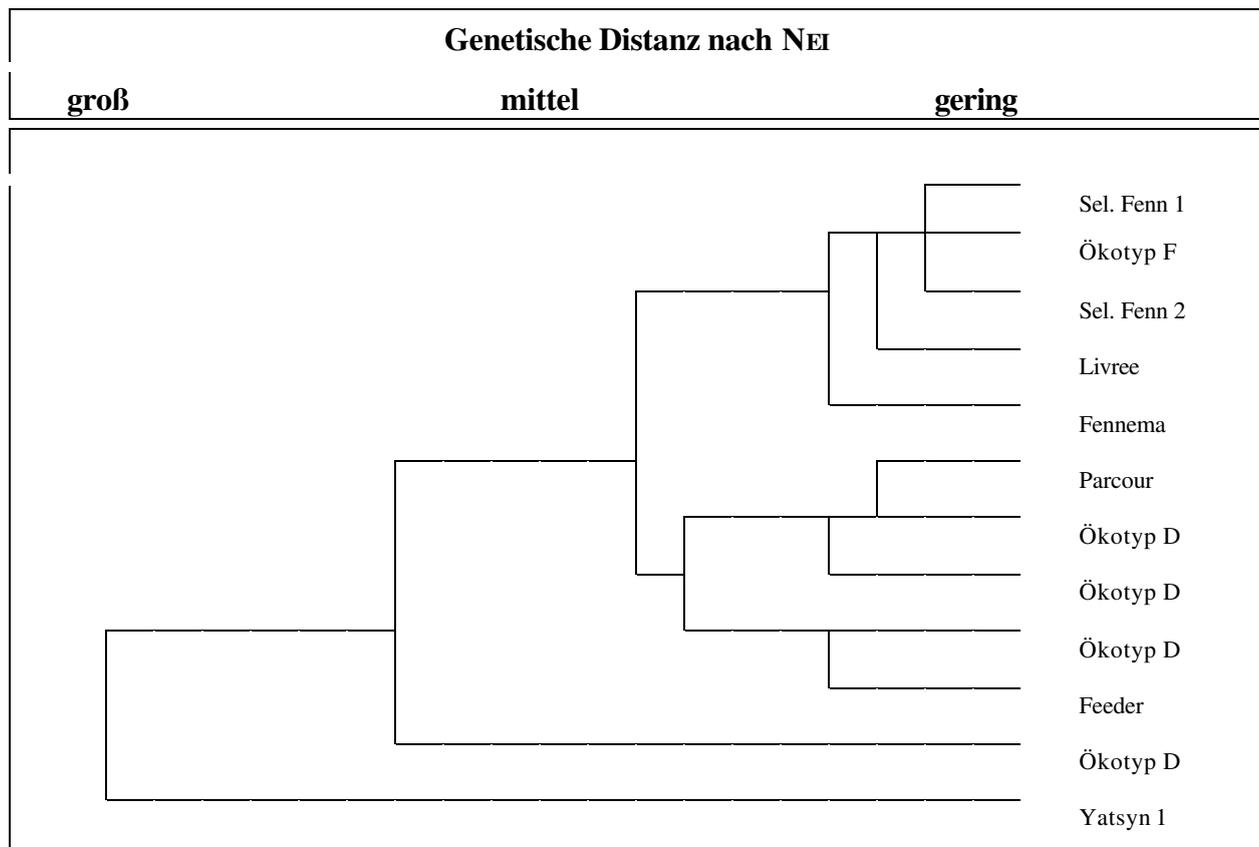


Abb. 3: Ergebnisse einer Cluster-Analyse der Allelfrequenzen von Ökotypen und Sorten beim Deutschen Weidelgras (*L. perenne* L.), DSV 1995

Fig. 3: Results of a cluster-analysis of the allele frequencies of ecotypes and varieties of *L. perenne* L.

Die Abbildung 3 zeigt vier Gruppen. Der Ökotyp aus Frankreich ist eng verwandt zu den Sorten Fennema und Livree. Drei Ökotypen aus Deutschland sind sehr ähnlich den Sorten Parcour und Feeder. Ein Ökotyp aus Deutschland bildet eine Gruppe für sich und schließlich unterscheidet sich die neuseeländische Sorte Yatsyn1 stark vom gesamten europäischen Material.

Abschließend möchte ich noch kurz zwei laufende Arbeiten erwähnen. Zur Zeit wird im Auftrag des ASSINSEL, des internationalen Verbandes der Pflanzenzüchter für den Schutz von Pflanzenzüchtungen, in Belgien bei RVP in Zusammenarbeit mit zwei weiteren Instituten eine Methode für den Test von im wesentlichen abgeleiteten Sorten oder besser bekannt als EDV (essential derived varieties) - bei *Lolium perenne* entwickelt. Dabei werden jeweils Sorten und daraus selektierte Sorten untersucht werden. Die Untersuchungen werden dabei sowohl morphologisch, in Form einer Registerprüfung, als auch genetisch mit Hilfe von DNA-Markern durchgeführt. Im Rahmen dieses Projektes geht es auch darum, für die sehr komplexen Daten, die bei einer DNA-Marker-Analyse anfallen, geeignete statistische Verfahren zu

entwickeln. Nach Abschluß dieses Projektes wird es uns leichter fallen, das Potential der DNA-Marker in der praktischen Pflanzenzüchtung bei den Futterpflanzen einzuschätzen. Noch ein weiteres Projekt ist zur Zeit in Arbeit. An der Landessaatzuchtanstalt an der Universität Hohenheim führt Dr. Posselt dieses GFP-Projekt aus.

An verschiedenen Sorten und Ökotypen werden in diesem Projekt mit Hilfe von DNA-Markern die genetischen Distanzen festgestellt. Ziel dieses Projektes ist es, herauszufinden, ob die Bildung von Genpools auch in den fremdbefruchtenden Futterpflanzenarten möglich ist.

6 Literatur

- BALFOURIER, F., M.D. HAYWARD, G. DEGENAARS AND F. EICKMEYER (1994): Towards a standard allelic designation and a standard *Lolium* reference collection. In: Evaluation and Exploitation of Genetic resources, Pre-Breeding, Proceedings of the Genetic Resources Section Meeting of EUCARPIA, Clermont-Ferrand, Frankreich, 281 - 283.
- DSV (1995): Erzeugung standortgerechter zur Ganzpflanzenverbrennung geeigneter Gräser für die Nutzung als nachwachsende Rohstoffe. GFP-Projekt F 46/91 NR - 90 NR 026, pp. 114.
- HAMRICK, J.L. AND M.J.W. GODT (1990): Allozyme Diversity in Plant Species. In: [BROWN, CLEGG, KAHLER UND WEIR (EDS.)] Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources, 43 - 63.
- LOOS, B.P. (1994): Allozyme Differentiation of European Populations and Cultivars of *Lolium perenne* L., and the Relation to Ecogeographical Factors. In: The Genus *Lolium*; Taxonomy and Genetic Resources. Dissertation Universität Wageningen, 75 - 86.
- OETMANN, A. (1994): Untersuchungen zur intraspezifischen phänotypischen Variabilität autochtoner Weidelgrasherküfte (*Lolium perenne* L.) und ihre Bedeutung für die Erhaltung wertvoller Standorte vor Ort (*In Situ*), Dissertation, Universität/Gesamthochschule Kassel, 203 S.

Nutzbarmachung biochemischer und molekularer Markermethoden für die praktische Züchtung

Utilization of biochemical and molecular marker techniques in plant breeding

PETER WEHLING¹

Zusammenfassung

Markertechniken werden zukünftig eine wachsende Bedeutung als Selektionshilfen in der Pflanzenzüchtung erlangen. Die Übertragung einzelner wertvoller Gene aus züchterisch nicht-adaptierten genetischen Ressourcen in aktuelles Zuchtmaterial wird die kurzfristig am meisten von dem Einsatz von Markern profitierende züchterische Aktivität sein. In Abhängigkeit von Vererbungsmodus, Rekombination, Kopplungsphase, Selektionsmaterial und technischer Effizienz stellt sich hierbei die Eignung der verfügbaren Markerklassen unterschiedlich dar. Neben der Kartierung einzelner Merkmalsgene werden Marker zur Identifizierung von Kreuzungs- und Fusionsprodukten erfolgreich eingesetzt. Einsatzmöglichkeiten in diesen Bereichen werden anhand praktischer Beispiele diskutiert.

Summary

Marker techniques will experience increasing future utilization as selection tools in plant breeding. The introgression of monogenic traits from non-adapted genetic resources into elite breeding stocks will profit most from the introduction of marker methodology into the breeding process. The applicability of different marker classes has to be considered in dependence on the mode of inheritance, recombination, linkage phase, material under selection as well as technical aspects. Aspects of the use of markers for selection of monogenic traits as well as of genome combinations are discussed.

1 Einleitung

Die Selektion geeigneter Genotypen und ihre Verwendung zum Aufbau verbesserter Populationen oder Linien stellt nach wie vor die Hauptaufgabe der züchterischen Arbeit dar. Die Effizienz der Selektionsarbeit bestimmt daher maßgeblich den wirtschaftlichen Erfolg wie den genetischen Fortschritt der Zuchtarbeit. Die Auswahl geeigneter Individuen erfolgt dabei in den meisten Fällen nach wie vor

¹ Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtungsmethodik landw. Kulturpflanzen
Institutsplatz
18190 Groß Lüsewitz

durch direkte Selektion, d.h. durch Selektion auf die Phänotypen. Die Verfügbarkeit einer rasch wachsenden Zahl biochemischer und molekularer Marker seit Mitte der siebziger bzw. Anfang der achtziger Jahre und die Konstruktion markerbasierter Kopplungskarten für die Mehrzahl der landwirtschaftlich bedeutsamen Kulturarten hat die zusätzliche Möglichkeit eröffnet, indirekte Selektionsstrategien zu entwickeln, bei denen züchterisch wertvolle Individuen nicht mehr ausschließlich nach ihrem Phänotyp, sondern unter Einbeziehung ihres Markergenotyps selektiert werden. Neben der Unterstützung der Selektionsarbeit zur Verbesserung einfach oder quantitativ vererbter Merkmale werden für molekulare Marker weitere Einsatzmöglichkeiten in der Pflanzenzüchtung diskutiert, von denen die Definition heterotischer Gruppen, Vorhersage der Heterosis, Identifizierung von (abgeleiteten) Sorten, Saatgutkontrolle, Prüfung auf Linienreinheit, und die Charakterisierung von Genbankmaterial beispielhaft angeführt seien. Die Aufdeckung von Synthäniebeziehungen der Gene innerhalb eines Taxons, insbesondere innerhalb der Gräser, stellt ein weiteres wichtiges Beispiel für die Nutzung molekularer Marker dar, welches für die gezielte Erschließung genetischer Ressourcen künftig erhebliche Bedeutung erlangen könnte.

2 Nutzung von Markern für die Erschließung genetischer Ressourcen

2.1 Monogene Merkmale

Die Übertragung einzelner wertvoller Gene aus züchterisch nicht-adaptierten genetischen Ressourcen, z.B. Genbank-Akzessionen, in aktuelles Zuchtmaterial ist die wohl kurzfristig am meisten von dem Einsatz von Markern profitierende züchterische Aktivität. Die Aufgabe besteht hier in der Markierung des zu übertragenen Gens mit Markern, der Einkreuzung des Gens in das Zuchtmaterial und der anschließenden markergestützten Identifizierung geeigneter Individuen unter den Rückkreuzungsnachkommen. Molekulare Marker können hierbei mit verschiedenen Zielen eingesetzt werden. Sie können dazu dienen:

- (1) Individuen mit dem gesuchten Merkmalsgen zu identifizieren,
- (2) in höheren Rückkreuzungsgenerationen solche Individuen zu selektieren, welche außer dem Zielgen des Donorelter einen maximalen Anteil von Genen des rekurrenten Elter besitzen und
- (3) zur Eliminierung unerwünschter, mit dem Zielgen gekoppelter Donorgene gezielt nach jenen seltenen Rekombinanten zu suchen, die einen Austausch innerhalb des fremden, im allgemeinen rekombinationsgehemmten chromosomalen Segmentes des Donorelter zeigen, auf welchem das Zielgen lokalisiert ist.

Der Einsatz biochemischer und molekularer Marker für die Introgression züchterisch bedeutsamer Merkmalsgene in Zuchtmaterial wird in einer Übersicht über die theoretischen Aspekte ausführlich von MELCHINGER (1990) diskutiert und wurde für eine Reihe von mono- oder oligogenen Merkmalen in verschiedenen Kulturarten demonstriert. JUNG ET AL. (1986) markierten spezifische Chromsomen von *Beta*-Wildarten, welche ein Gen für Nematodenresistenz (*Heterodera schachtii*) tragen, mit Hilfe von

Isoenzymmarkern, so daß die Selektion von erwünschten Nachkommen aus der Kreuzung diploider anfälliger *B. vulgaris*-Genotypen mit resistenten monosomen Additionslinien markergestützt erfolgen konnte. Die Anzahl der durch aufwendige cytologische Analyse und Resistenztests zu charakterisierenden Individuen konnte auf diese Weise drastisch eingeengt werden. HALEY ET AL. (1994) beschreiben die Anwendung von RAPD-Markern für die Übertragung eines rezessiven Virusresistenzgens bei *Phaseolus vulgaris*. Bei Roggen wurden in züchterisch nicht adaptierten argentinischen und iranischen Herkünften neue Restorer Gene gefunden, welche eine bessere Restauration der männlichen Fertilität für die Hybridsaatgutproduktion gewährleisten und von denen einige Major Gene mit Hilfe von Isoenzym- und RFLP-Markern kartiert werden konnten (WRICKE ET AL. 1993, MIEDANER ET AL. 1997), so daß die markergestützte Übertragung dieser Gene in aktuelle Zuchtlinien ermöglicht wird. Ein weiteres Beispiel für die Nutzung biochemischer und molekularer Marker ist die Erschließung von Major Genen für Braunrostresistenz (*Lr*-Gene) bei Roggen (LINZ UND WEHLING 1997). Unter Einsatz von Isoenzym-, RAPD- und AFLP-Markern konnte eine Reihe von dominanten *Lr*-Genen markiert werden (Tab. 1), welche nun in Rückkreuzungsprogrammen in verschiedenen Kombinationen in Inzuchtlinien zusammengeführt werden, um Basismaterial für die Roggenzüchtung zu erstellen und zu prüfen, ob die Pyramidisierung von einzelnen rassenspezifischen Resistenzgenen (NELSON 1978) zu dauerhafterer Braunrostresistenz bei Roggen führen kann.

Tab. 1: Markierung von Braunrostresistenzgenen aus genetischen Ressourcen des Roggens

Tab. 1: Mapping of major leaf rust resistance genes from genetic resources in rye

Gen *	Ressource (Population)**	Lr-Marker	r	s	Lokalisation
<i>Lr-a</i>	A (F3)	Isoenzym: <i>Acol</i> <i>Est8</i>	0.02 0.29	0.017 0.059	6RL
<i>Lr-b</i>	A (F2)	RAPD: <i>OP-Y11₃₄₀</i> <i>OP-O07₅₅₀</i> AFLP: <i>AFLP-1</i>	0.09 0.16 0.22	0.037 0.117 0.116	n.b.
<i>Lr-c</i>	B (F2, BC1)	Isoenzym: <i>Prx7</i>	0	-	1RS
<i>Lr-d</i>	C (F2)	RAPD: <i>OP-E04₃₄₀</i>	0.12	0.045	n.b.
<i>Lr-e (= Lr-a?)</i>	D (F3)	Isoenzym: <i>Acol</i>	0.05	0.026	6RL

* Vorläufige Bezeichnung

** Ressourcen A-D; Kartierungspopulation

AFLP-Marker zeichnen sich durch eine sehr effiziente Darstellungsmethodik aus (vgl. KOCH, in diesem Band). In Verbindung mit der von MICHELMORE ET AL. (1991) eingeführten Bulk Segregant-Analyse (BSA) erscheinen sie daher besonders für die gezielte Markierung monogener bedingter Merkmale geeignet. So wurden beispielsweise für die Resistenzgene *Lr-a* und *Lr-b* mit Hilfe einer auf Silberfärbung beruhenden AFLP-Methode in Verbindung mit der BSA innerhalb einer Woche 120 *EcoRI*+3/*Tru9I*+3-Primer getestet, von denen 71 Primer (59%) zu Polymorphismen zwischen den *LrLr*- und *lrlr*-Genotypenbulks (mit je 10 Individuen) führten. Insgesamt ergab sich damit eine Ausbeute von 230 potentiell eng gekoppelten AFLP-Markern, welche nun innerhalb der aufspaltenden Kartierungspopulationen in ihrer Kopplung zu verifizieren und zu quantifizieren sind.

Die Nutzung von Markern für die indirekte, markergestützte Selektion erfordert das Vorliegen einer hinreichend engen Kopplung zwischen Marker und Merkmalsgen, Polymorphismus von Marker(n) und Merkmalsgen, Kopplungsungleichgewicht der unter Selektion stehenden Population sowie Information über die vorliegende Kopplungsphase (WEBER UND WRICKE 1994). Für die Schätzung von Rekombinationswerten bei der Genkartierung sind kodominante Marker wie z.B. Isoenzym-, RFLP- und Mikrosatellitenmarker aufgrund ihres höheren Informationsgehaltes den dominant-rezessiv vererbten RAPD- und AFLP-Markern - in Abhängigkeit von Kopplungsintensität und Typ der Kartierungspopulation - im allgemeinen überlegen (ALLARD 1956). Daher wird oft auch im Hinblick auf eine markergestützte Selektion der dominant-rezessive Vererbungsmodus der ansonsten sehr effektiv zu entwickelnden und im Routinebetrieb darzustellenden RAPD- und AFLP-Marker als Nachteil gegenüber den kodominanten, jedoch erheblich kosten- und zeitaufwendigeren RFLP- und Mikrosatellitenmarkern gewertet. Während dies für bestimmte Anwendungen von Markern, z.B. bei der Reinheitsprüfung von Linien oder der Heterosisschätzung auf der Grundlage des Heterozygotiegrades generell zutrifft, ist die relative genetische Effizienz von dominanten und kodominanten Markern bei der markergestützten Selektion wesentlich von der Kopplungsphase und -intensität sowie vom Typ der unter Selektion stehenden Population abhängig.

In Tabelle 2 ist am Beispiel eines dominanten Merkmalsgens (z.B. ein Resistenzlocus mit den Allelen *R* und *r*) die Zusammensetzung der mit Hilfe eines einzelnen, dominanten bzw. kodominanten Markers in einer F₂ selektierten bzw. verworfenen Individuengruppen wiedergegeben. Es ist leicht erkennbar, daß für dominante Marker die Repulsionskopplung bei sehr enger Kopplung ($r \approx 0$) bis zu dreimal effektiver als die Attraktionskopplung ist, wenn auf die erwünschten homozygot-dominanten Merkmalsgenotypen *RR* indirekt selektiert wird. Weiterhin ist zu erkennen, daß für die genannte Anwendung dominante Marker in Repulsion den kodominanten Markern ebenbürtig sind. Für die Markierung rezessiver Merkmale mit dominanten Markern sind die in Tabelle 2 angegebenen Frequenzen zwischen Repulsion und Attraktion jeweils zu vertauschen (nicht gezeigt).

Tab. 2: Markergestützte Selektion in F2: Frequenz homo- und heterozygoter Genotypen für ein Merkmalsgen A (AA , Aa , aa) unter Selektierten und Verworfenen in Abhängigkeit von der Rekombination (r) zwischen Marker und Merkmalsgen

Tab. 2: Marker-assisted selection in F2: Frequency of homozygous and heterozygous genotypes for a trait gene A (AA , Aa , aa) among selected and discarded individuals in dependence on the recombination (r) between marker and trait gene

	Selektiert			Verworfen
	AA	Aa	aa	AA
Repulsion	$(1-r)^2$	$2r(1-r)$	r^2	$\frac{r(2-r)}{3}$
Attraktion	$\frac{1-r^2}{3}$	$\frac{2(1-r+r^2)}{3}$	$\frac{r(2-r)}{3}$	r^2
Kodominanz	$(1-r)^2$	$2r(1-r)$	r^2	$\frac{r(2-r)}{3}$

Eine weitere Frage ist, ob die bei Selektion in F2 zu beobachtende Überlegenheit von Markern in Repulsion gegenüber solchen in Attraktion auch dann gegeben ist, wenn Rekombination ($0 < r < 0.5$) eintritt. Am praktischen Beispiel der in Tabelle 1 aufgeführten Braunrostresistenzmarker wird deutlich, daß die Überlegenheit von Markern in Repulsion über den gesamten in der Praxis sinnvollen Rekombinationsbereich (Rekombination zwischen 0 und 20%) erhalten bleibt (Tab. 3).

Tab. 3: Anteil verschiedener Braunrostresistenz-Genotypen unter selektierten und verworfenen Individuen bei markergestützter Selektion in F2 mit verschiedenen Markern

Tab. 3: Fractions of the different leaf rust resistance genotypes among selected and discarded individuals with marker-assisted selection in F2 using different markers

	% der Selektierten			% der Verworfenen
	$LrLr$	$LrLr$	$lrlr$	$LrLr$
$OP-Y11_{340}$ ($r=0.09$; A)	33.1	61.2	5.7	0.8
$OP-007_{550}$ ($r=0.16$; R)	70.6	26.9	2.6	9.8
Relation ($OP-007/OP-Y11$)	2.1	0.4	0.5	12.1
$AFLP-1$ ($r=0.22$; R)	60.8	34.3	4.8	13.1
Relation ($AFLP-1/OP-Y11$)	1.8	0.6	0.8	16.2
$Acol$ ($r=0.02$; Kod.)	96.0	3.9	0.04	1.3
$Prx7$ ($R=0$; Kod.)	100.0	0	0	0

A: Attraktionskopplung, R: Repulsionskopplung, Kod.: Kodominanz

Für den mit 16% Austausch in Repulsion mit *Lr-b* gekoppelten RAPD-Marker *OP-007550* ergibt sich beispielsweise bei indirekter Selektion eine ca. doppelt so hohe Ausbeute an erwünschten homozygot Resistenten im Vergleich zum enger, mit 9% Rekombination gekoppelten, Marker *OP-Y11340*, welcher in Attraktion mit *Lr-b* gekoppelt ist. Demgegenüber beträgt die Kontamination der selektierten Gruppe mit unerwünschten heterozygot Resistenten und homozygot Anfälligen nur etwa die Hälfte im Vergleich zum Marker in Attraktion. Selbst der noch weniger eng gekoppelte AFLP-Marker ($r=0.22$) ist dank seiner in Repulsion vorliegenden Kopplung unter den genannten Aspekten wirksamer als *OP-Y11340*. Am effektivsten sind dank ihrer sehr engen Kopplung die beiden (kodominanten) Isoenzymmarker *AcoI* und *Prx7*.

Zusammenfassend kann geschlossen werden, daß erstens die dominant-rezessiv vererbten RAPD- und AFLP-Marker den kodominanten, aber methodisch sehr aufwendigen RFLP- und Mikrosatelliten-Markern bei bestimmten Selektionsaufgaben in der Effizienz ebenbürtig sind, wenn sie in Repulsion mit dem Zielgen gekoppelt sind, und daß zweitens für eine verlässliche markergestützte Selektion sehr enge Kopplungen nicht unbedingt essentiell sind, da auch bei höheren Rekombinationswerten Repulsionsmarker deutlich zuverlässiger als Attraktionsmarker bleiben. Dies gilt unter der Voraussetzung, daß innerhalb aufspaltender F₂- oder Selbstungsfamilien selektiert und die Minimierung des "linkage drag", d.h. der ungewollten Mitnahme chromosomaler Bereiche des Donorelter, welche das erwünschte Merkmalsgen umgeben, nicht essentiell ist. In ähnlicher Weise wie oben für F₂-Familien beschrieben, lassen sich auch für die Selektion in Rückkreuzungsnachkommenschaften die Effizienzen von dominanten und kodominanten Markern vergleichen. In diesem Fall ist die Verwendung von Markern, welche im rekurrenten Elter mit ihrem dominanten +-Allel zusammen mit dem rezessiven Merkmalsallel *a* homozygot vorliegen ($A-/a+ \times a+/a+$) nicht möglich. Dominante Marker in Attraktion weisen hier indessen dieselbe Selektionseignung wie kodominante Marker auf. In Tabelle 3 ist dargestellt, daß Marker auch in Rückkreuzungsprogrammen effektiv über einen weiten Rekombinationsbereich eingesetzt werden können, sofern wiederum linkage drag vernachlässigt werden kann. Die mit höheren Rekombinationswerten verbundene Kontamination der Gruppe der Selektierten mit unerwünschten rezessiven Merkmalsgenotypen macht jedoch deutlich, daß bei der markergestützten Selektion auf die direkte Merkmals erfassung in der Regel nicht verzichtet werden kann, da sonst in nachfolgenden Generationen der Anteil der rezessiven, durch Markeranalyse nicht identifizierten Genotypen schnell ansteigen würde (WEBER UND WRICKE 1994).

Es ist daher für den Züchter von Interesse, in welchem Maß er die Anzahl der letztlich direkt zu untersuchenden Individuen durch eine markergestützte Vorselektion einengen könnte. In Tabelle 4 ist, wiederum für Einzelmarker, aufgeführt, welcher Anteil an Individuen (im Vergleich zur Selektion ohne Marker) einer merkmalsbasierten Endprüfung unterzogen werden muß, wenn eine Vorselektion mit einem Marker durchgeführt werden kann. Weiterhin ist angegeben, wieviele Individuen zusätzlich in die Markeranalyse einbezogen werden müssen, um eine vorgegebene Anzahl erwünschter Individuen (Heterozygote bei Selektion in BC-, homozygot Dominante bei Selektion in F₂-Familien) selektieren zu können. Die jeweiligen Anteile zu untersuchender Individuen bei direkter Selektion ohne Marker sind

als 100% gesetzt. Bei Verwendung eines Markers mit 10% Rekombination zum Merkmalsgen müßten z.B. von einer Rückkreuzungsnachkommenschaft nur 11% mehr Individuen angezogen und auf Marker analysiert werden; die Anzahl der so vorselektierten, anschließend einer direkten Merkmalsprüfung zu unterziehenden Individuen würde sich aber gleichzeitig auf 56% im Vergleich zur nicht markergestützten Selektion verringern. Noch stärker ist der Effekt der Vorselektion bei Verwendung von dominanten Markern in Repulsion (oder kodominanten Markern) in der F2. Hier würde bei derselben Kopplungsintensität ein Mehraufwand von 24% für Anzucht und Markeranalyse einer Aufwandreduktion von 69% für die abschließende Merkmalerfassung gegenüberstehen.

Tab. 4: Relative Anzahl auf Marker und Phänotyp zu prüfender Individuen bei indirekter Selektion in BC1 oder F2 in Abhängigkeit vom Austauschwert

Tab. 4: Relative number of individuals to be tested for marker and trait phenotype with indirect selection in BC1 or F2 in dependence on the recombination

Relative Anzahl zu testender Individuen (%) (direkte Selektion ohne Marker = 100%)						
<i>r</i>	BC1 *		F2 (Repulsion)**		F2 (Attraktion)**	
	Marker	Phänotyp	Marker	Phänotyp	Marker	Phänotyp
0.5	200	100	400	100	400	100
0.4	167	83	278	69	357	89
0.3	143	71	204	51	330	82
0.2	125	63	156	39	313	78
0.1	111	56	124	31	303	76
0.05	105	53	111	28	301	75
0.01	101	51	102	26	300	75

* bei Selektion auf heterozygote Genotypen

** bei Selektion auf homozygot-dominante Genotypen

Sollen Marker direkt in unbekanntem Material, z.B. Genbankakzessionen, anstelle von Merkmalerfassungen eingesetzt werden, ohne jegliche Vorinformationen über das Vorhandensein des gesuchten Merkmalsgens, das Vorliegen von Kopplungsungleichgewicht und die Kopplungsphase zur Verfügung zu haben, so müssen andere als die oben genannten Bedingungen erfüllt sein. Für solche Anwendungen muß der verwendete Marker (1) diagnostisch für das gesuchte Merkmalsgen sein und (2) in Attraktionskopplung vorliegen.

Diagnostische Marker könnten entweder Sequenzen des gesuchten Gens selbst sein oder, als Folge einer frühen Einführung des Merkmalsgens und des ihn umgebenden chromosomalen Bereiches aus einem

Nutzbarmachung biochemischer und molekularer Marker Methoden

begrenzt homoecologen Donorgenom, aufgrund von „linkage drag“ im gesamten Genbanksortiment mit dem Merkmalsgen gemeinsam auftreten.

Aufgrund der für monogene Merkmale genetisch transparenten, oben skizzierten Aspekte der markergestützten Ausnutzung genetischer Ressourcen sollten die fixen und variablen Kosten für Markeranalyse, Merkmals erfassung und Logistik für den Züchter relativ leicht ermittelbar und gegeneinander abzuwägen sein, so daß der Nutzen einer markergestützten Selektion auf mono- und oligogene Merkmale für den Einzelfall ermittelt werden kann.

2.2 Genomdiagnose

Neben den oben erläuterten Situationen, bei welchen für die Ausnutzung genetischer Ressourcen solche Marker hilfreich sind, die eine Kopplung (oder Identität) mit dem Merkmalsgen zeigen, sind auch Anwendungen denkbar, die keiner Kopplung zwischen einem Merkmalsgen und einem Marker bedürfen. In solchen Fällen kann es ausreichen, wenn die miteinander zu kombinierenden Eltern Genome durch mindestens einen Marker unterscheidbar sind. Als Beispiel sei die somatische Hybridisierung von dihaploiden Kartoffelgenotypen untereinander oder mit *Solanum*-Wildarten durch Protoplastenfusion angeführt (WENZEL ET AL. 1979; THIEME ET AL. 1994, 1996). Zur Selektion der gesuchten Fusionsprodukte werden dabei zunächst durch Flowzytometrie nicht fusionierte und aneuploide Genotypen erfaßt und verworfen. Anschließend wird eine markergestützte Selektion der flowzytometrisch vorselektierten Fusionsprodukte mit Isoenzym-, RAPD-, Mikrosatelliten- oder AFLP-Markern vorgenommen.

Abbildung 1 zeigt, daß durch die simultane Verwendung mehrerer Mikrosatelliten-Primerpaare in einer PCR-Reaktion (Multiplexing) komplexe Bandenmuster erzeugt werden, mit denen die Fusionshybriden eindeutig identifizierbar sind. Weitere Untersuchungen müssen zeigen, ob es gelingt, durch das Multiplexing von Mikrosatelliten oder durch Anwendung der AFLP-Technik einen universellen, für alle potentiellen Fusionspartner informativen Marker-Assay zu schaffen.

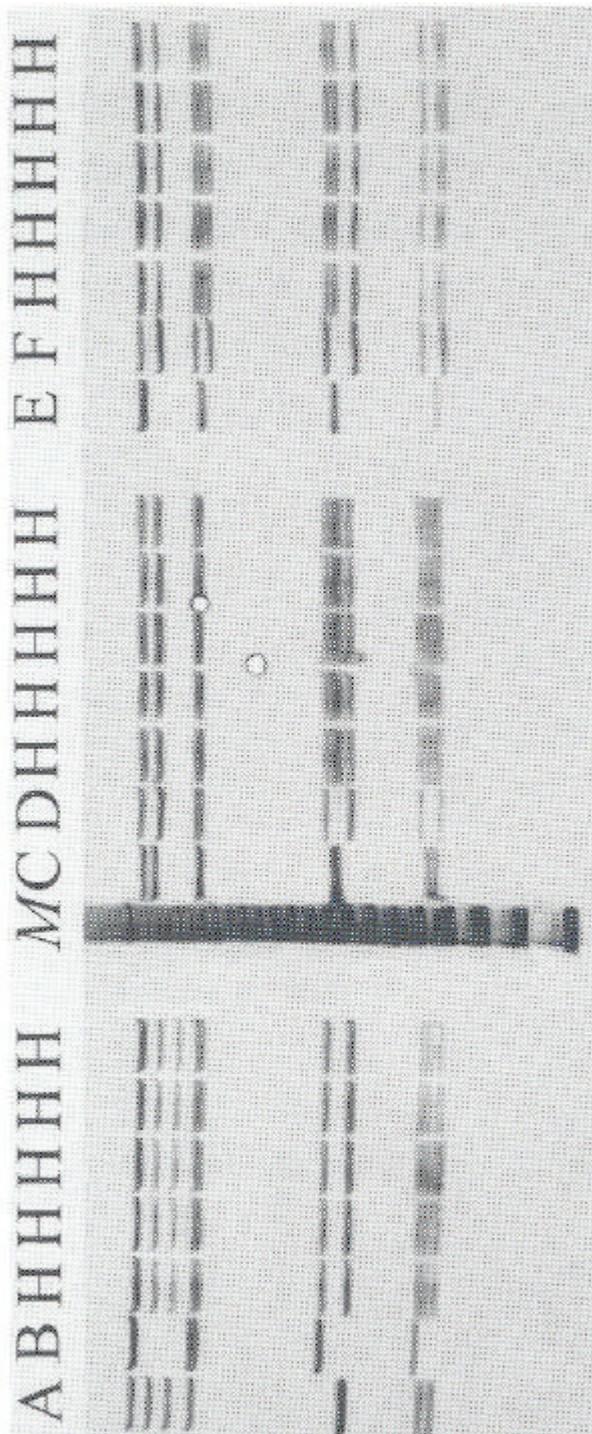


Abb. 1: Multiplex-Mikrosatellitenanalyse zur Identifizierung somatischer Fusionshybriden aus dihaploiden Fusionspartnern. A/B, C/D und E/F, dihaploide Fusionspartner; H, Fusionshybriden; M, Größenmarker

Fig. 1: Multiplex microsatellite analysis for the identification of somatic fusion hybrids as dihaploid fusion partners. A/B, C/D and E/F dihaploid fusion partners; Fusion hybrids; M, marker

2.3 Indirekte Selektion auf quantitativ vererbte Eigenschaften (QTL)

Trotz der teilweise recht hohen Effekte einzelner QTL und des Einsatzes dicht besetzter Kopplungskarten brachten die zahlreichen bisherigen Untersuchungen zur züchterischen Nutzung von QTL-Markern für die indirekte Selektion bislang insgesamt enttäuschende Ergebnisse bezüglich ihrer Konsistenz unter verschiedenen Umwelten und ihrer Übertragbarkeit auf Zuchtmaterial diverser Abstammung. Selbst unter Verwendung von Populationen, welche teilweise auf dieselben Eltern zurückgehen, sind die QTL-Kartierungsdaten nicht immer übertragbar, so daß empfohlen wird, die QTL-Kartierung in genau dem Material vorzunehmen, welches auch für die züchterische Selektion verwendet werden soll (LÜBBERSTEDT ET AL. 1996).

TANKSLEY UND NELSON (1996) weisen darauf hin, daß die genannten Probleme der indirekten QTL-Selektion im wesentlichen darauf zurückzuführen sein dürften, daß

- (1) die Verwendung früher Generationen (F₂, F₃) für die QTL-Analyse die zuverlässige Erfassung wertgebender QTL erschwert,
- (2) QTL-Analyse und Integration von QTL-Markerdaten in Zuchtprogramme bislang getrennte Prozesse sind und
- (3) die markergestützte QTL-Selektion auf bereits hochgezüchtete Elitepopulationen angewandt wurde, in welchen der Polymorphismus an Markerloci und QTL reduziert und damit das Informationspotential molekularer Marker nicht ausgeschöpft werden kann.

Die Autoren schlagen deshalb vor, durch die Verlegung der QTL-Markeranalyse auf spätere Generationen („Advanced Backcross QTL Analysis“), der 1-2 konventionelle BC-Selektionszyklen vorangegangen sind, molekulare Markeranalyse und Zuchtschema aneinander anzupassen und den Einsatz molekularer Marker auf jene Bereiche zu konzentrieren, in denen die Stärken markergestützter Selektion liegen, d.h. auf die Introgression wertgebender QTL aus nicht adaptierten genetischen Ressourcen in aktuelles Zuchtmaterial unter Verwendung nahezu isogener Inzuchtlinien (QTL-NIL).

3 Schlußbetrachtung

Genetische Ressourcen werden für die Pflanzenzüchtung gegenwärtig in bescheidenem Maß genutzt, weil in der Vergangenheit durch die intensive züchterische Bearbeitung für viele Kulturarten Genpools entstanden sind, welche sich bereits auf einem hohen Leistungsniveau befinden und die weiteren, langjährigen Selektions- und rekurrenten Züchtungsprogramme in ihrem Erfolg bislang relativ sicher und überschaubar gestalten. Die Verbreiterung der genetischen Basis heutiger Hochleistungssorten durch Einführung exotischen genetischen Materials erfordert dagegen intensive Rückkreuzungsprogramme, um das Leistungsniveau des aktuellen Zuchtmaterials zu erhalten. Dies gilt für die Nutzung genetischer Ressourcen zur Übertragung mono- oder oligogen vererbter Merkmale und noch mehr für die Introgression wertgebender QTL. Während im Fall monogener Merkmale die Risiken der

Introgressionszüchtung einerseits und der potentielle Nutzen von Markern andererseits relativ gut überschaubar sind, ist die Übertragung quantitativer Eigenschaften aus nicht adaptiertem Genbankmaterial in fortgeschrittenes Zuchtmaterial ein langwieriges, im Endergebnis schwer abzusehendes Unterfangen. Neue Ansätze zur Integration von Markern für quantitativ vererbte Eigenschaften in Züchtungsprogramme lassen nach bisher ernüchternden Erfahrungen hoffen, daß, im Rahmen einer Vorlaufzüchtung, mit Hilfe molekularer Marker auch für agronomische, quantitativ vererbte Eigenschaften das genetische Potential nicht-adaptierter Genressourcen einer effizienteren Erschließung für die züchterische Nutzung entgegengeführt werden kann.

4 Literatur

- ALLARD, R.W. (1956): Formulas and tables to facilitate the calculation of recombination values in heredity. *Hilgardia* **24**, 235-278.
- HALEY, S.D., L. AFANADOR AND J.D. KELLY (1994): Selection for monogenic pest resistance traits with coupling- and repulsion-phase RAPD markers. *Crop Sci.* **34**, 1061-1066.
- JUNG, C., P. WEHLING. UND H. LÖPTIEN (1986): Electrophoretic investigations of nematode resi-stant sugar beets. *Plant Breeding* **97**, 39-45.
- LINZ, A. AND P. WEHLING (1997): Identification and mapping of major leaf rust resistance genes in rye. 6th Aschersleben Symposium on New Aspects of Resistance Research on Cultivated Plants, November 17-18, 1997, Aschersleben, Germany (im Druck)
- LÜBBERSTEDT, TH., A.E. MELCHINGER, S. FÄHR, H.F. UTZ, D. KLEIN, A. DALLY. UND P. WEST HOFF (1996): QTL-Kartierung in Testkreuzungen von Mais: Vergleich zwischen Populationen. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* **33**, 173-182.
- MELCHINGER, A.E. (1990): Use of molecular markers in breeding for oligogenic disease resistance. *Plant Breeding* **104**, 1-19.
- MICHELMORE, R.W., I. PARAN AND R.V. KESSELI (1991): Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions using segregating populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **88**, 9828-9832.
- MIEDANER, T., F. DREYER, C. GLASS, H. REINBOLD UND H.H. GEIGER (1997): Kartierung von Genen für die Pollenfertilitätsrestauration bei Roggen (*Secale cereale* L.). *Vortr. Pflanzenzüchtung* **38**, 303-314.
- NELSON, R.R. (1978): Genetics of horizontal resistance to plant diseases. *Ann. Rev. Phytopathol.* **16**, 359-378.
- TANKSLEY, S.D. AND R.R. NELSON (1996): Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theor. Appl. Genet.* **92**, 191-203.
- THIEME, R., U. DARSOW, T. GAVRILENKO, K. SONNTAG. AND H. TIEMANN (1994:) Intraspecific somatic hybridization between cultivated potato (*Solanum tuberosum*) and wild potato species from *Pinnatisecta* and *Bulbocastana* series. *Solanaceae Newsletter* **4/1**, 49.

- THIEME, R., K. SONNTAG, T. GAVRILENKO UND H. TIEMANN (1996): Intraspezifische somatische Hybridisierung durch Protoplastenfusion und Charakterisierung der Hybriden bei der Kartoffel. Vortr. Pflanzenzüchtg. **32**, 154-157.
- WEBER, W.E. AND G. WRICKE (1994): Genetic Markers in Plant Breeding. Advances in Plant Breeding **16** (Suppl. Plant Breeding), Parey, Berlin Hamburg
- WENZEL, G., O. SCHIEDER, T. PRZEWOZNY, S.K. SOPORY AND G. MELCHERS (1979): Comparison of single-cell-culture-derived *Solanum tuberosum* L. plants and a model for their application in breeding programmes. Theor. Appl. Genet. **55**, 49-55.
- WRICKE, G., P. WILDE, P. WEHLING AND C. GIESELMANN (1993): An isozyme marker for pollen fertility restoration to the Pampa cms system of rye (*Secale cereale* L.). Plant Breeding **111**, 290-294.

Biometrische Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität

Statistical Approaches to the Analysis of Genetic Diversity

WOLFGANG KÖHLER¹, JÖRN PONS¹ UND ANDREAS LANGSDORF¹

Zusammenfassung

Ausgehend von der Beschreibung genetischer Distanzmaße werden wesentliche multivariate Auswertungsmethoden zur qualitativen und quantitativen Erfassung genetischer Diversität kurz vorgestellt. Am Beispiel der genetischen Analyse der Futterpflanze *Brachiaria nidulans* von verschiedenen Standorten in der Sahel-Zone werden Möglichkeiten zur Interpretation der verwendeten Methoden vergleichend dargestellt.

Summary

Based on genetic distance measures, fundamental multivariate methods for the evaluation of genetic diversity are briefly described. Possibilities for the interpretation of the methods applied are compared, using genetic analyses of the fodder plant *Brachiaria nidulans* from different locations in the Sahel-Zone as an example.

1 Einleitung

Die Weiterentwicklung molekularer Techniken und deren Anwendung in der Züchtungsforschung hat für die Biometrie neue Herausforderungen gebracht. Parallel zu dieser Entwicklung ist die verfügbare Rechnerkapazität stark angestiegen und ermöglicht die Auswertung von experimentellen Daten mit einer Fülle statistischer Methoden, alt bekannten und neu entwickelten Verfahren. Dazu wird die Datenverarbeitung für den Anwender aufgrund vorliegender Programmpakete extrem vereinfacht. Während früher die Untersuchung quantitativer Merkmale Schwerpunkt der Biometrischen Genetik war, steht heute die Analyse qualitativer Merkmale im Vordergrund. Diskrete, genetische Daten, beispielsweise DNA-Sequenzen, Genfrequenzen, Bandenmuster oder genetische Marker, sollen statistisch analysiert werden und zu einer tragfähigen Aussage über die genetische Struktur und Diversität

¹ Justus-Liebig-Universität
Institut für Biometrie und Populationsgenetik
Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung II
Ludwigstr. 27
35390 Giessen

von Populationen führen, aber auch die Charakterisierung von Individuen ermöglichen. Zusätzliche, wichtige Aspekte werden mit Methoden der Kopplungsanalyse genetischer Marker, die mit qualitativen oder quantitativen Merkmalen von ökonomischer Bedeutung zusammenhängen, bearbeitet ².

2 Genetische Diversität

Die genetische Diversität bezeichnet die Vielfalt bzw. Mannigfaltigkeit in der genetischen Zusammensetzung von Organismengruppen auf derselben oder auf unterschiedlichen Organisationsstufen. Sie ist ein Ergebnis der Evolution und daher eine Konsequenz der Wirkung der verschiedenen Evolutionsfaktoren, insbesondere von Mutation, Selektion, Zufallsdrift und Migration sowie der Vermehrungsstruktur von Populationen. Auch der Einfluß des Menschen durch Domestizierung und gezielte Auswahl in der Züchtung spielt dabei eine wichtige Rolle (SPERLICH 1988, HINTUM 1995). Die Charakterisierung der genetischen Diversität kann auf der Ebene von Individuen, Populationen, Arten oder auch hinsichtlich höherer taxonomischer Einheiten erfolgen ³. In Abhängigkeit von der gewählten experimentellen Methode wird die genetische Vielfalt beispielsweise anhand von Unterschieden in DNA-Sequenzen, Genen, molekularen oder biochemischen Markern, Proteinen oder auch an ‚klassischen‘ morphologischen Merkmalen erfaßt. Dabei können auch andere Informationen, z.B. biogeographische, einbezogen werden. Die genetische Diversität charakterisiert das Ausmaß an Unterschieden im gesamten genetischen Material (genomische und zytoplasmatische DNA) der untersuchten Organismengruppe, und gerade bei der eingeschränkten Materialauswahl (Core collection) ist die Erfassung und Erhaltung der genetischen Variation für eine Genbank oder für einen Pflanzenzüchter von besonderer Bedeutung. Nicht eine Fülle von Ähnlichkeiten, die ebenfalls in den untersuchten Individuen nachzuweisen sind, sondern eine vollständige, zumindest eine repräsentative Auswahl der vorhandenen genetischen Variation einer Art ist Ziel der Konservierung genetischer Ressourcen.

Um einer solchen Zielvorstellung gerecht zu werden, genügt es nicht, die genetische Variation innerhalb und zwischen den einzelnen Gruppen aufzuzeigen. Eine Struktur ist oft nicht von vornherein bekannt und zudem kann nicht vorausgesetzt werden, daß eine vorgegebene oder vermutete Gruppierung den ‚wahren‘ genetischen Strukturen im Untersuchungsmaterial entspricht.

Es ist also sinnvoll und notwendig, bei der Analyse der experimentellen Ergebnisse Methoden anzuwenden, die eine Charakterisierung des Materials entsprechend der Zielvorstellung gestatten.

² Die Erstellung genetischer bzw. physikalischer Karten mit Hilfe molekularer Marker und damit zusammenhängend die Lokalisation von Genen und QTL wird hier nicht weiter behandelt.

³ Genetische Diversität sollte nicht mit Gendiversität (gene diversity) verwechselt werden. Gendiversität ist ein Maß der genetischen Variation einer Population und wird manchmal auch als durchschnittliche Heterozygotie bezeichnet (WEIR 1996).

Typische Fragestellungen betreffen in diesem Zusammenhang:

- die genetische Zusammensetzung und Struktur von Populationen
- die Eingruppierung in 'homogene' Gruppen,
- die Darstellung der evolutiven Zusammenhänge und
- die Klassifikation bzw. die Zuordnung zu vorgegebenen Strukturen oder Gruppen.

Die einzelnen Punkte dieser Aufzählung überlappen sich und betreffen jeweils Teilaspekte der allgemeinen Frage nach der Struktur der genetischen Diversität. Es ist jedoch vereinfachend möglich, die zur Lösung dieser Fragestellung verwendeten statistischen Methoden entsprechend zu gliedern.

Da an jedem untersuchten Objekt (DNA, Gene, Proteine, Bandenmuster, morphologische Merkmale einzelner Individuen) gleichzeitig mehrere Variable (Basenhäufigkeiten, -übereinstimmung, Allele, Loci, Pänotypen) erfaßt werden, erhält man für jedes Objekt einen mehr-dimensionalen Ergebnisvektor. Dadurch wird ein multidimensionaler Raum definiert. Genetische Diversität hat also eine multidimensionale Struktur (HINTUM 1995). Da wir nicht in der Lage sind, mit dem Auge Strukturen in Räumen mit mehr als 3 Dimensionen zu erkennen, sind wir gezwungen, statistische Verfahren anzuwenden, die uns eine graphische Darstellung mit bis zu drei Koordinaten gestatten. Dabei sollten die wesentlichen Eigenschaften der genetischen Diversität möglichst erhalten bleiben und begreifbar gemacht werden.

3 Statistische Maße zur Schätzung der Diversität

Die genetische Vielfalt innerhalb von Populationen kann durch die Angabe der Allel- oder Genotypenfrequenzen beschrieben werden. Eine daraus abgeleitete einfache Kennzahl für die genetische Variation in einer Population ist die Heterozygotie an einem einzelnen Locus oder, besonders für Inzuchtpopulationen, die Höhe der durchschnittlichen Heterozygotie an verschiedenen Loci (Gendiversität). Betrachtet man mehrere Populationen und möchte die Populationsstruktur charakterisieren, so bieten sich die verschiedenen Wright'schen F-Statistiken an (Inzucht- und Verwandtschaftskoeffizienten), die oft aufgrund der gewählten experimentellen Anordnung mit Hilfe hierarchischer Varianzanalysen geschätzt werden (SLATKIN 1995, GOODMAN 1996, WEIR 1996). Hier wird auf diese Methoden nicht näher eingegangen.

4 Distanz- und Ähnlichkeitsmaße

Naheliegender erscheint die Frage nach der genetischen Ähnlichkeit der Objekte und ihrer Beziehungen untereinander. Häufig verwendet man für die Beantwortung dieser Frage Abstandsmaße, beispielsweise für räumliche Abstände (geometrische Distanzen), die unserer Erfahrung nahe kommen, oder sogenannte genetische Distanzen. Sieht man in Distanzen nicht nur eine Anweisung zur Datenreduktion

und eine einfache Möglichkeit, jeweils zwei Objekte miteinander zu vergleichen, so fordert man in der Regel zusätzlich von ihnen, daß sie einen Bezug zu der Zeitdauer haben, die seit der Trennung vom gemeinsamen Vorfahren vergangen ist. Dies gilt besonders für die Rekonstruktion der Phylogenese. Die Konstruktion eines Dendrogrammes und seine Interpretation setzt daher eine Modellvorstellung voraus, in der die Wirkungsweise der evolutionären Mechanismen, z. B. von Mutation und Zufallsdrift, die ursächlich zu dieser divergenten Entwicklung geführt haben, spezifiziert werden.

Genetische Distanzen drücken genetische Unterschiede/Ähnlichkeiten zwischen Individuen oder Populationen durch eine einzige Zahl aus, die in der Regel zwischen 0 (kein Unterschied) und 1 (maximaler Unterschied) liegt. Sie stellen einfache Anweisungen zur Datenreduktion dar, sind ein Werkzeug zur Untersuchung der genetischen Diversität von Individuen oder Populationen und dienen der Rekonstruktion evolutionärer Beziehungen der untersuchten Organismengruppen. Dabei führt das gewählte Objekt, die getroffene Merkmalsauswahl, das Meß- bzw. Skalierungs-niveau (KÖHLER ET AL. 1996) und das favorisierte genetische Modell zu unterschiedlichen Distanzmaßen. Auch unterschiedliche Ziele können die Wahl unterschiedlicher Distanzmaße bedingen. Für die Auswahl einer „Core collection“ in einer Genbank legt man möglicherweise weniger Wert auf eine korrekte Schätzung der Länge der Zweige (evolutionäre Zeitabstände) des geschätzten phylogenetischen Baumes als auf die korrekte Darstellung der genetischen Variation innerhalb und zwischen den verschiedenen Gruppen.

Wie bereits erwähnt, hängt die Wahl eines geeigneten Abstandsmaßes nicht nur von dem zugrundeliegenden Datenmaterial, sondern auch von bestimmten Modellannahmen ab, auf denen die Beantwortung der Fragestellung und der verfolgten Ziele beruht. Auf Anhieb ist es nicht sofort einsichtig, daß das „*infinite allele model*“ zu anderen Distanzmaßen als das „*stepwise mutation model*“ führt und daß die Annahme der Gleichwahrscheinlichkeit von Basensubstitutionen (JUKES-CANTOR) zu einer anderen Formel als die Berücksichtigung unterschiedlicher Raten von Transitionen und Transversionen (KIMURA) führt (WEIR 1996). Auch die Annahme eines dominanten oder kodominanten Erbgangs eines Merkmals beeinflusst die Wahl eines adäquaten Distanzmaßes. Die Abhängigkeit der Auswahl eines geeigneten Abstandes von dem beobachteten Merkmal und seiner Skalierung ist offensichtlich. So benötigt man für qualitative oder quantitative Merkmale, für den Vergleich von DNA- oder Aminosäuresequenzen bzw. für Bandenmuster unterschiedliche Distanzen - binäre Daten verlangen andere genetische Abstandsmaße als der Anteil gleicher, homologer Basen in einer DNA-Sequenz. Zudem spiegeln verschiedene Merkmale unterschiedliche Aspekte der genetischen Diversität wider. Beruhigenderweise zeigt die Erfahrung, daß die für denselben Datensatz und dieselbe Skalierung zur Wahl stehenden genetischen Distanzmaße weitgehend zu übereinstimmenden Ergebnissen führen. Die verschiedenen berechneten Abstände sind in der Regel hoch korreliert. Zudem erzeugen einfache Distanzmaße, wie das von JUKES-CANTOR, für nicht zu lange DNA-Sequenzen und bei einer mehr oder weniger konstanten Substitutionsrate häufiger eine vorgegebene korrekte Topologie eines phylogenetischen Stammbaums, als theoretisch anspruchsvollere Distanzen (NEI 1996). Im Folgenden werden einige häufig verwendete Distanzmaße in Abhängigkeit von der Datenstruktur kurz dargestellt.

5 Binäre Daten (0/1-Daten)

Für jedes Individuum liegt ein Vektor von Nullen und Einsen vor, der das Vorhandensein (1) oder Fehlen (0) der beobachteten Merkmale, z. B. einzelner Banden auf einem Gel, charakterisiert. Diese Darstellung ist auf Gene, Allele, Banden oder qualitative Merkmale leicht anwendbar; quantitative Merkmale können künstlich dichotomisiert werden, indem man einen Schwellenwert vorgibt (kleiner als/größer als). Für die Berechnung von Ähnlichkeiten wurde eine Fülle von Maßzahlen vorgeschlagen, die sich in vielen Fällen aus einer allgemeinen Distanzfunktion d_{ij} herleiten lassen (ROHLF 1992, BACKHAUS ET AL. 1996). In der Vierfeldertafel (Tab. 1) werden die Kombinationshäufigkeiten binärer Variablen von zwei Individuen i und j dargestellt.

Tab. 1: Kombinationsmöglichkeiten binärer Variablen. Hier stellen a, b, c und d die Häufigkeiten dar, mit denen die einzelnen Kombinationen bei den untersuchten Individuen auftreten. Der Stichprobenumfang ist n, $m = a+d$ bzw. $u = b+c$ ist die Anzahl der Individuen, die dieselbe bzw. unterschiedliche Merkmalsausprägung besitzen

Tab. 1: Combinations of binary variables. Here a, b, c and d are frequencies of these combinations within the sample of individuals $m = a+d$ (number of matches), $u = b+c$ (number of matches)

		Individuum i		Zeilensumme
		1	0	
Individuum i	1	a	b	a + b
	0	c	d	c + d
Spaltensumme		a + c	b + d	a + b + c + d = n

0 - Eigenschaften des Merkmals nicht vorhanden

1 - Eigenschaft des Merkmals vorhanden

Die allgemeine Ähnlichkeitsfunktion d_{ij} ist folgendermaßen definiert:

$$d_{ij} = (a + f \cdot d) / (a + f \cdot d + g (b + c)),$$

wobei f und g Gewichtungsfaktoren darstellen, die je nach Modellvorstellung gleich null oder eins gewählt werden. In der folgenden Tabelle (Tab. 2) werden einige Distanzmaße und ihre Definitionen aufgelistet. Neben dem einfachen „Simple Matching“-Koeffizienten ist es aufgrund der Definition des Koeffizienten (Tab. 2) üblich, „Dice“ bei kodominanten und „Jaccard“ bei dominanten Merkmalen zu verwenden (SCHÖN 1997), aber selbst geometrische Distanzen werden trotz der Nominalskalierung der 0/1-Daten zur Berechnung herangezogen und führen zu ähnlichen Ergebnissen (GABRIELSEN ET AL. 1997).

Tab. 2: Einige übliche Distanzmaße für binäre Merkmale (0/1-Daten) unter

Berücksichtigung der allgemeinen Ähnlichkeitsfunktion (Bezeichnung nach Tab. 1).

Tab. 2: Some distance measures of binary characters (0/1-data) with regard of the general distance function (see Tab. 1)

Distanzmaß	binäre Merkmale	allg. Ähnlichkeitsfunktion
<i>Simple Matching</i>	$f = 1, g = 1$	$(a+d) / n = m/n$
<i>Jaccard</i> (TANIMOTO)	$f = 0, g = 1$	$a / (a+b+c) = a / n-d$
<i>Dice</i> (NEI UND LI)	$f = 0, g = 1/2$	$2a / (2a+(b+c)) = 2a / 2a+u$
RUSSEL AND RAO		a / n
KULCZYNSKI		a / u

6 Häufigkeiten

Bei Individuen einer Population kann die Häufigkeit bestimmter Basen oder Basenpaare bzw. die Häufigkeit der Übereinstimmung der Basen in zwei DNA-Sequenzen als Maß verwendet werden. So hängt beispielsweise die Jukes-Cantor Distanz

$$[K = 0,75 \ln (3 / [4q - 1])]$$

linear von der Anzahl der Basensubstitutionen ab, die seit der Trennung vom gemeinsamen Vorfahren erfolgten. Dabei ist q die Wahrscheinlichkeit, daß zwei homologe Nukleotide dieselbe Base besitzen. Sie kann mit Hilfe der relativen Häufigkeit der übereinstimmenden homologen Basen geschätzt werden. Dabei muß eine sinnvolle Zuordnung der DNA-Sequenzen (*sequence alignment*) vorausgesetzt werden. Man kann dieses Distanzmaß durch die Einbeziehung unterschiedlicher Mutationsraten bei Transitionen und Transversionen „verfeinern“ und erhält damit KIMURA'S „Two-Parameter Distance“ (WEIR 1996). Distanzen auf der Basis von Gen- und Allelfrequenzen, Banden- oder auch Genotypen-häufigkeiten können beispielsweise mit der NEI'schen Distanz anhand der ursprünglichen (NEI 1972) oder der unverzerrten Schätzformel (NEI 1978) berechnet werden. Speziell für die Anwendung auf Genotypenfrequenzen hat HEDRICK (1975) ein Distanzmaß vorgeschlagen.

Es wurden noch eine Fülle weiterer Schätzmethoden entwickelt (ROHLF 1992), auf die hier nicht näher eingegangen werden soll. Ebenso wird auf die Darstellung der Formeln verzichtet. Erwähnt werden muß noch, daß auch geometrischer Distanzen (s. unten) auf Häufigkeitsdaten angewandt werden können.

7 Quantitative Merkmale

Quantitative, mindestens intervallskalierte Daten treten bei morphologischen Untersuchungen auf oder sind Ergebnisse der Erfassung von Wachstums- und Entwicklungsprozessen. Aber auch genetische Daten, wie die Größe oder die Lauflänge von Fragmenten im Gel, besitzen dieses Skalenniveau. Die Analyse quantitativer Daten steht bei der Numerischen Taxonomie im Vordergrund. SNEATH UND SOKAL (1973) geben in ihrem Buch u. a. einen ausführlichen Überblick über die hier verwendeten Distanzmaße und ihre Auswahl sowie ihre Anwendung auf taxonomische Fragestellungen. Üblicherweise werden hier geometrische Distanzen ausgewählt, darunter insbesondere die Euklidische bzw. die damit direkt zusammenhängende, „durchschnittliche taxonomische Distanz“ oder die „Manhattan (City Block)-Distanz“. Sie haben den Vorteil, daß sie unserer Anschauung im zwei- oder dreidimensionalen Raum direkt zugänglich sind. Erwähnt sei noch, daß auch statistische Kennzahlen, wie Varianzen, Kovarianzen und Korrelationen, aber auch Koeffizienten, die aus der Ökologie bekannt sind, Verwendung finden (ROHLF 1992).

8 Bemerkungen

- 1) Um von der Variation genetischer Marker auf die Diversität quantitativer Merkmale zu schließen, haben BONIN ET AL. (1996) eine vergleichende Analyse der Populationsstruktur von *Medicago truncatula* anhand von genetischen Markern (RAPDs) und metrischen Merkmalen durchgeführt. Dabei stellte sich heraus, daß sich die Populationen bzgl. der quantitativen Merkmale stärker voneinander unterscheiden als bzgl. der molekularen Marker. Als Ursache wird u. a. eine starke, divergente Selektion zwischen den Subpopulationen im Hinblick auf die erfaßten quantitativen Merkmale angenommen.
- 2) In Untersuchungen an europäischen Wintergersten (zitiert nach WENZEL 1997) wird aufgrund der gleichmäßigen Verteilung von Land- und Hochleistungssorten, die anhand von genetischen Distanzen aus einer Analyse mit 50 Gensonden ermittelt wurde, vermutet, daß während des Zuchtanges keine Gene verloren gingen.

Diese Ergebnisse lassen vermuten, daß ein direkter Schluß von der molekularen Diversität auf die genetische Diversität wichtiger quantitativer Merkmale so einfach nicht möglich ist. Eine Kopplung von genetischen Markern, die als selektionsneutral betrachtet werden und aufgrund von Mutation und Zufallsdrift evolvieren, mit Merkmalen, die der natürlichen oder künstlichen Selektion unterliegen, kann nicht *a priori* angenommen werden.

9 Datentransformation

Bei unterschiedlichem Skalierungsniveau der Merkmale werden die Daten, wenn möglich, auf dasselbe Niveau transformiert, oder man berechnet verschiedene Distanzen und bildet daraus einen gemeinsamen Mittelwert. Eine häufig angewandte Transformation, um standardisierte, weitgehend normalverteilte Daten zu erzielen, ist die z-Transformation.

10 Statistische Methoden zur Beantwortung der genannten Fragestellungen

Anhand einer Untersuchung der genetischen Variabilität von Futterpflanzen der Sahel-Zone mit Hilfe von RAPD-Markern sollen einige wichtige Methoden, die zur Beantwortung der oben genannten Fragestellungen geeignet sind, dargestellt und miteinander verglichen werden. Es besteht auf keinen Fall die Absicht, möglichst viele multivariate Verfahren vorzustellen, dies ist in diesem Rahmen unmöglich. Eine ausführliche Darstellung dieser Methoden findet man z.B. in BACKHAUS ET AL. (1996), allerdings mit dem Schwerpunkt auf wirtschaftswissenschaftlichen Fragestellungen.

Aus einem Datensatz von *Brachiaria nidulans* wurden Stichproben von sechs Standorten der Sahel-Zone gewählt, die bis zu 1.500 km weit auseinander liegen (Abb. 1). Als Distanzmaß wurde der *Dice-Koeffizient* verwendet. Die Ergebnisse wurden von uns im Rahmen einer Studie zur *In-situ*-Konservierung erhalten (KUSSEROW 1997). Die Berechnung erfolgte mit den Programmpaketen SPSS (NORUSIS 1992) bzw. NTSYS-pc (ROHLF 1992).

10.1 Genetische Zusammensetzung und Struktur von Populationen

Wie erwähnt, kann die genetische Diversität beispielsweise durch die Berechnung des Heterozygotie- oder des Verwandtschaftsgrades charakterisiert werden. Ebenso wird die hierarchische Varianzanalyse (ANOVA) zur Schätzung von Varianzkomponenten innerhalb und zwischen den Populationen angewendet (WEIR 1996). Vor einigen Jahren wurde von EXCOFFIER ET AL. (1992) eine Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) vorgeschlagen, die ausgehend von der Matrix der quadrierten euklidischen Distanzen von RFLP-Haplotypen oder auch von RAPD-Phänotypen (HUFF ET AL. 1993, GABRIELSEN ET AL. 1997) Varianzkomponenten und analoge F-Statistiken berechnet. Ist das vorrangige Ziel jedoch eine Reduktion der Variablen und eine graphische Darstellung, die dem Betrachter wesentliche Strukturen in den Daten deutlich machen soll, so sind die rechenstechnisch identischen Hauptkomponenten- (PCA) und Hauptachsenanalysen (PCO) die wichtigsten Methoden. Ist eine ursächliche Interpretation der Faktoren nicht gewünscht und soll auch eine weitergehende Analyse nicht durchgeführt werden, so kann die Entscheidung von der Datenstruktur (ROHLF 1992) von der Höhe der erklärten Varianz oder vom graphischen Ergebnis abhängig gemacht werden. Beim Vergleich der PCO (Abb. 2) mit der PCA (Abb. 3) in unserem Beispiel wird deutlich, daß eine Entscheidung für die Berechnung einer PCA oder PCO aufgrund der Graphiken nicht offensichtlich ist.

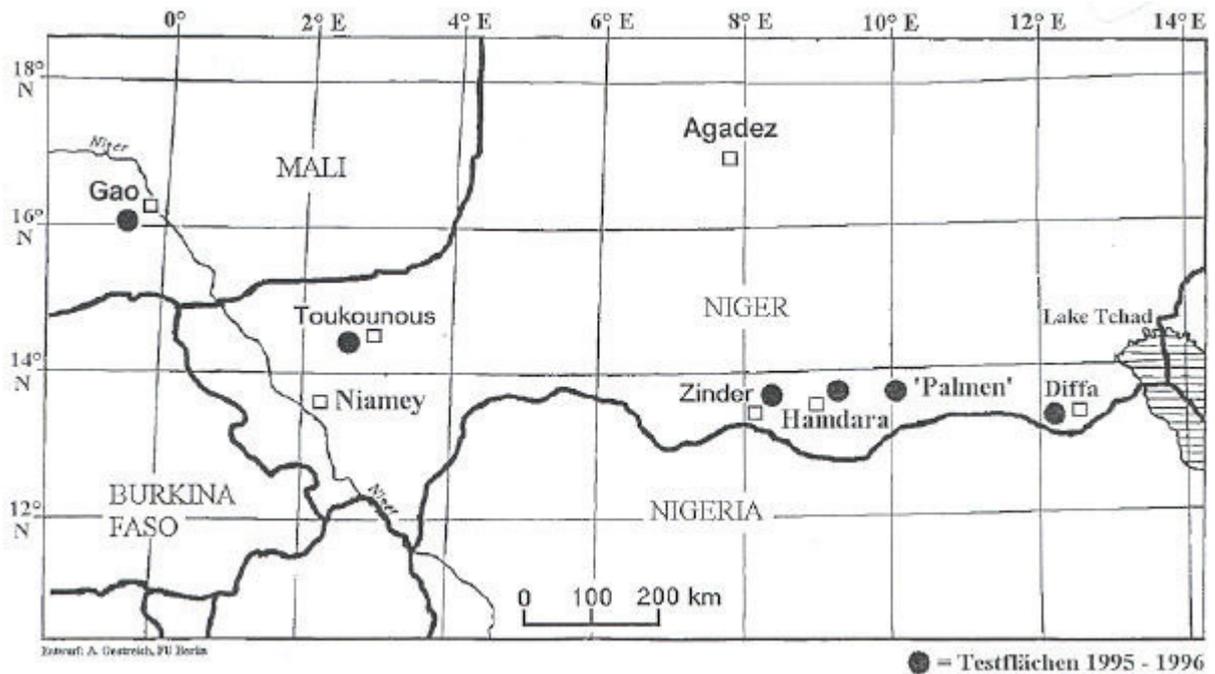


Abb. 1: Beschreibung der sechs Standorte für *Brachiaria nidulans*. Die einzelnen Standorte sind als Punkte eingetragen. Pflanzen aus Gao (Mali) wurden nur 1995, aus Hamdara und Palmen nur 1996 gesammelt. Der Standort Zinder gliedert sich in zwei Testflächen I und II, die lediglich durch den Fahrweg voneinander getrennt sind.

Fig. 1: Places of six test sites of *Brachiaria nidulans*. Test sites are marked with dots. Plants from Gao (Mali) were only collected in 1995, Hamdara and Palmen only in 1996. Test site Zinder is divided into two parts, I and II, which are separated by the road.

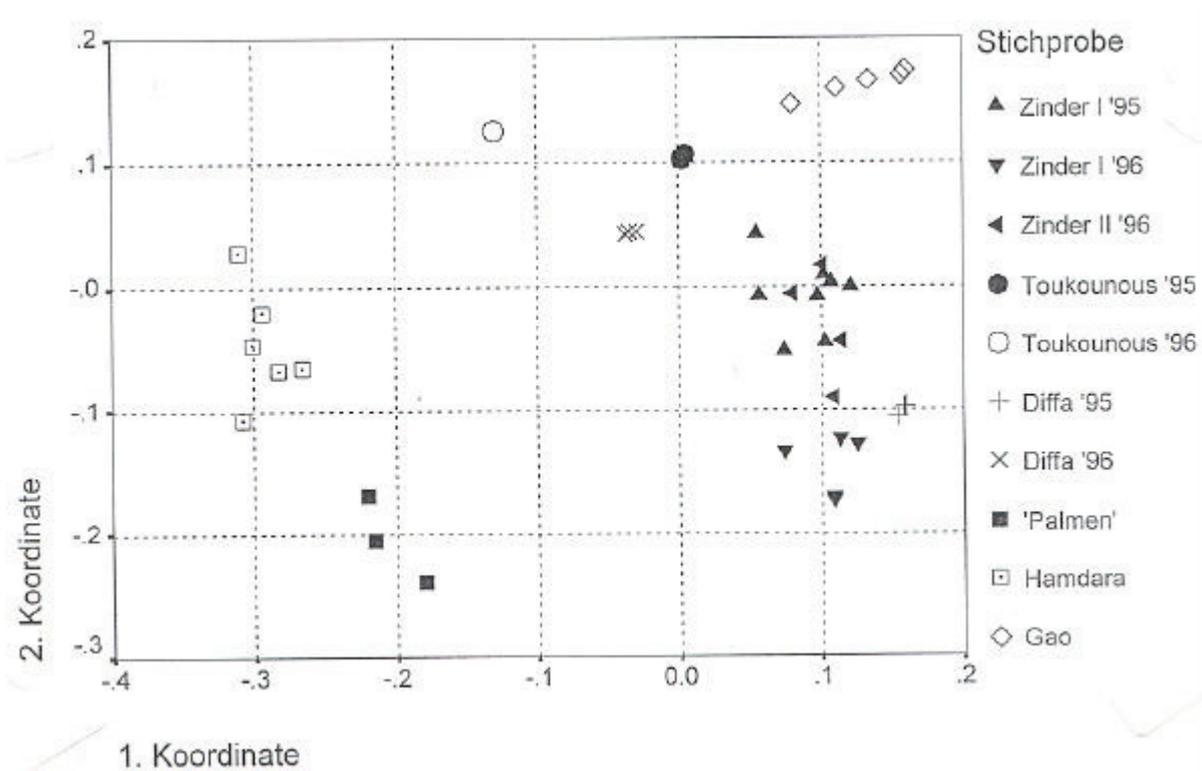


Abb. 2: Zweidimensionale Darstellung der Ergebnisse einer Hauptachsenanalyse. Die Objekte (Pflanzen) sind als Punkte eingetragen, die verschiedenen Standorte und Sammelfahrten sind mit unterschiedlichen Symbolen gekennzeichnet.

Fig. 2: Results of a two-dimensional principal coordinate analysis. Test sites and samples are characterized by different symbols.

Bei Vorliegen von Kontingenztafeln können χ^2 -Distanzen berechnet werden. Eine daran anschließende Korrespondenzanalyse bietet sich als Alternative zur PCA an. Im Falle von fehlenden Werten empfiehlt ROHLF (1992) die multidimensionale Skalierung. Hier gilt die Empfehlung an den Anwender, sich bei der Auswahl der Methoden im vornherein einzuschränken, um nicht in den Verdacht der Datenmanipulation zu kommen. Gleiches gilt auch für die Auswahl der Methoden bei der Clusteranalyse, die im folgenden Abschnitt dargestellt wird.

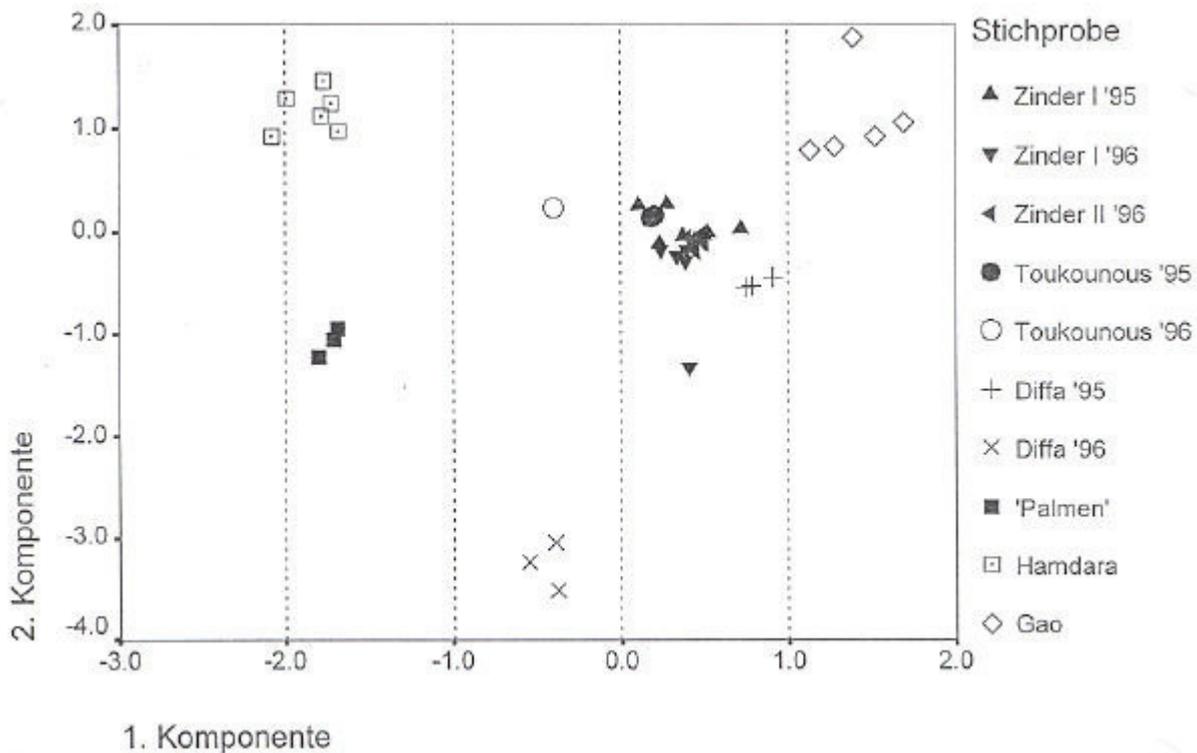


Abb. 3: Graphische Darstellung der Ergebnisse einer zweidimensionalen Hauptkomponentenanalyse (vgl. Abb. 2)

Fig. 3: Results of a two-dimensional principal component analysis (see Fig. 2).

10.2 Einteilung in homogene Gruppen und Rekonstruktion evolutiver Zusammenhänge

Clusteranalysen sind Verfahren zur Bildung von homogenen Gruppen, in denen Individuen oder Objekte mit denselben oder sehr ähnlichen Merkmalen zusammengefasst werden. Bei evolutiven Fragestellungen wird zusätzlich versucht, die Phylogenese zu rekonstruieren und die vermutliche Entwicklungsgeschichte aufzuzeigen.

Dies führt in der Regel zu graphischen Darstellungen von Stammbäumen (*phylogenetic trees*), die allgemein Dendrogramme genannt werden. Je nach Standpunkt des Untersuchers und der benutzten Methodik wird dafür auch die Bezeichnung Phänogramm (phänetische Beziehungen) oder Cladogramm (cladistische Beziehungen) verwendet. Eine zusätzliche Unterscheidung wird zwischen Dendrogrammen getroffen, bei denen ein gemeinsamer bzw. kein gemeinsamer Vorfahre/Ursprung angenommen wird. Bei der Konstruktion der Stammbäume mit gemeinsamem Ursprung wird der zeitliche Ablauf der divergenten Entwicklung einbezogen (rooted trees, Abb. 4 oben).

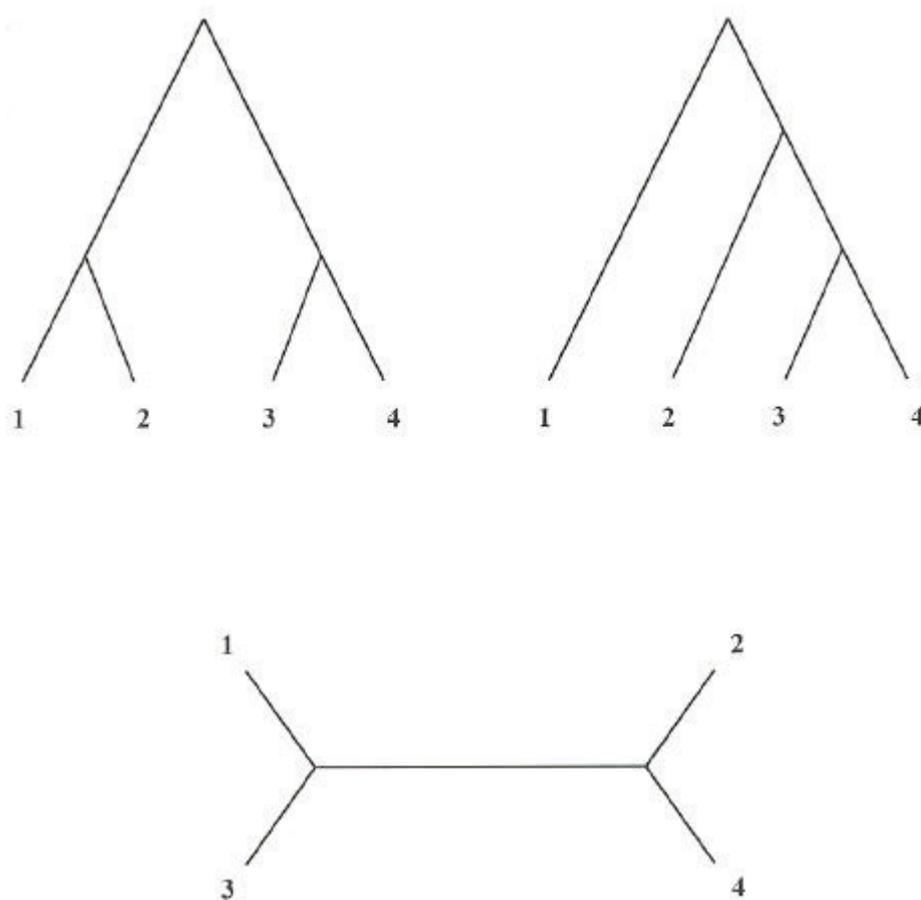


Abb. 4: Beispiel von zwei Stammbäumen mit einem gemeinsamen Vorfahren (rooted trees) und eines entsprechenden Stammbaums ohne diese Annahme (unrooted tree) nach LANGE (1997)

Fig. 4: Two rooted trees corresponding to the same unrooted tree (LANGE 1997)

Wird dieser gemeinsame Ursprung nicht angenommen (unrooted trees, Abb. 4 unten), dann spiegelt das Dendrogramm nur die Abstände der einzelnen Objekte untereinander wider, ohne den Verlauf der Entwicklung festzulegen (WEIR 1996).

Es existieren zahlreiche Verfahren zur Gruppierung von Objekten, die auf unterschiedlichen Annahmen und Voraussetzungen beruhen. Heute teilt man sie in drei Klassen ein: die Parsimony-, die Maximum-Likelihood- und die Distanz-Matrix-Methoden (FELSENSTEIN 1988, WILLS 1994). Während die ersten beiden Methodengruppen geeignet sind, Merkmalsdaten direkt zur Verrechnung zu benutzen, verwendet man im dritten Fall Distanzmatrizen (WEIR 1996). In unserem Beispiel haben wir uns für Distanz-Matrix-Methoden entschieden. Im ersten Schritt wählten wir als Abstandsmaß den *Dice*-Koeffizient und im zweiten zur Gruppenbildung den Algorithmus ‚Average Linkage‘, auch UPGMA (unweighted pair group method using an arithmetic average) genannt. Das Ergebnis ist in Abb. 5 dargestellt. Es ist offensichtlich,

daß die Gruppierung der einzelnen Pflanzen mit dem zugehörigen Standort (Testflächen, Abb. 1) gut übereinstimmt. Es gibt aber auch auffällige Unterschiede zwischen den beiden Sammelfahrten (Jahren). In Abb. 6 ist zum Vergleich der Minimalbaum (minimum spanning tree) unter Verwendung desselben Datensatzes abgebildet. Hier wird auf die zeitliche Anordnung verzichtet (unrooted tree), eine Entwicklungsgeschichte ist nicht erkennbar, und nur die Abstände zwischen den Objekten im dreidimensionalen Raum werden zur Gruppierung benutzt.

Natürlich stellen diese beiden Ergebnisse nur eine kleine Auswahl aus einer Fülle von Möglichkeiten dar. Auch hier gilt es, die Auswahl der Methoden frühzeitig zu treffen. Eine Entscheidung zwischen den berechneten Gruppierungen aufgrund der Übereinstimmung mit der eigenen Hypothese, legt den Verdacht der Datenmanipulation nahe.

Die Reliabilität eines ermittelten Stammbaums kann auch anhand eines statistischen Tests überprüft werden (FELSENSTEIN 1988). Häufig wird der von Felsenstein entwickelte *Bootstrapping*-Test angewandt. In diesem Zusammenhang beschreibt NEI (1996) ein verblüffendes Resultat bei der Gruppierung von 11 Wirbeltierarten anhand der Unterschiede in ihren mitochondrialen DNA-Sequenzen. Das ermittelte Phänogramm von 11 untersuchten Arten stimmte mit unserem Wissen über ihre Phylogenese überein. Durch Hinzufügen der Daten von zwei weiteren Spezies wurde der Stammbaum offensichtlich fehlerhaft dargestellt. Aber auch dieser (falsche) Stammbaum wurde durch den *Bootstrapping*-Test eindeutig unterstützt.

10.3 Zuordnung zu vorgegebenen Strukturen oder Gruppen

Ist eine Gruppenstruktur bekannt oder möchte man prüfen, ob bei einer vorgegebenen Gruppierung die Unterschiede zwischen den Gruppen signifikant sind, so ist die Diskriminanzanalyse dafür ein geeignetes Verfahren. Zusätzlich überprüft sie auch die Eignung der einzelnen Variablen zur Unterscheidung und kann damit zur Reduktion der Anzahl der benötigten Variablen beitragen. Ein weiteres Anwendungsgebiet der Diskriminanzanalyse hat eine besondere praktische Relevanz, nämlich die Möglichkeit der Bestimmung der Gruppenzugehörigkeit für neu zu klassifizierende Objekte. So könnte mit Hilfe einer Diskriminanzfunktion entschieden werden, ob sich neues Pflanzenmaterial in die vorhandene Kollektion einer Genbank einordnen läßt, oder ob die darin enthaltene genetische Variation von der bisher gesammelten Variation abweicht und damit erhaltenswert ist.

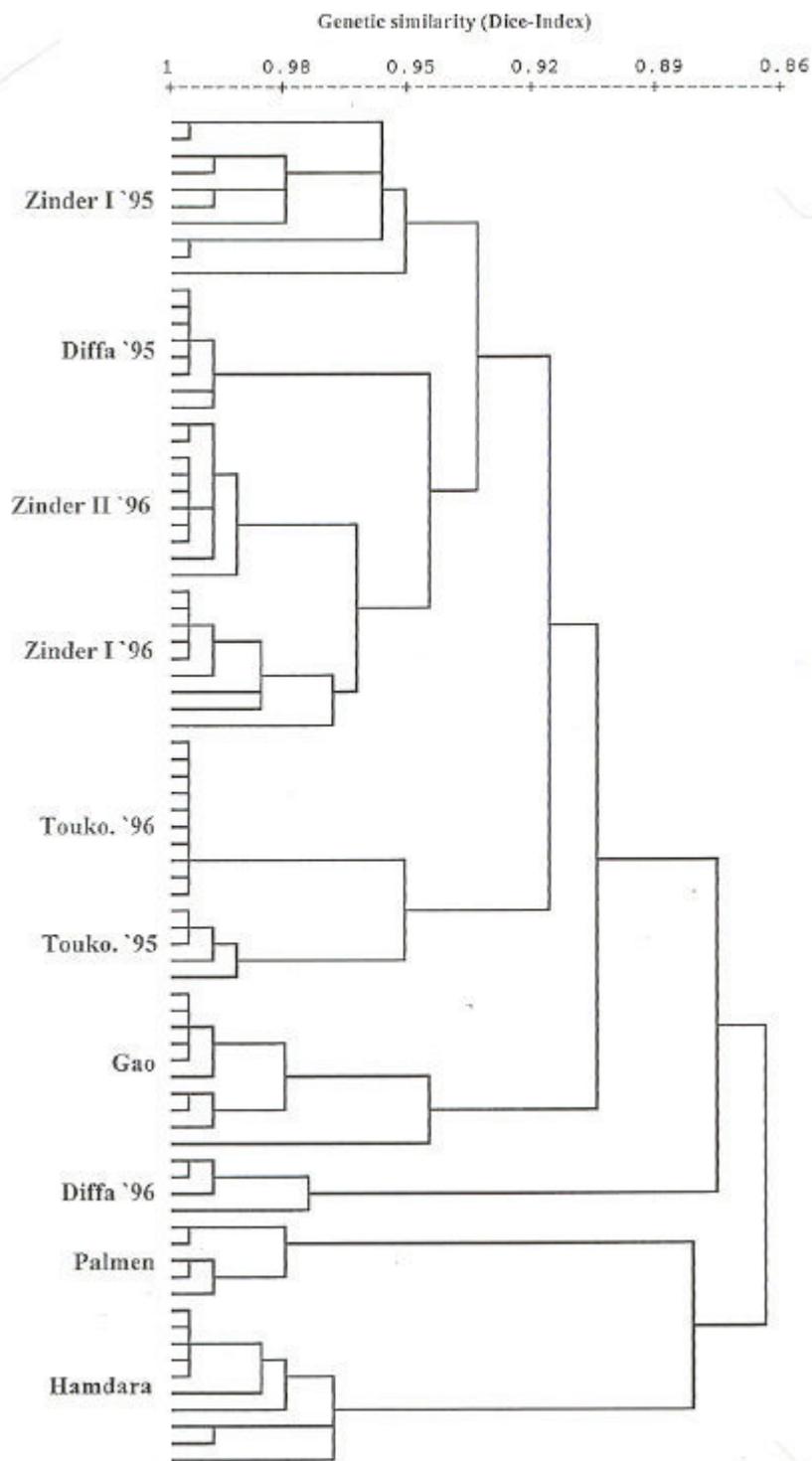


Abb. 5: Clusteranalyse von 81 *Brachiaria nidulans* Pflanzen aus 6 Standorten unter Verwendung des Abstandskoeffizienten nach *DICE* und der UPGMA-Methode (vgl. Abb. 1)

Fig. 5: Cluster analysis of 81 *Brachiaria nidulans* samples of six test sites using *DICE*'s similarity coefficients and the UPGMA method (see Fig. 1)

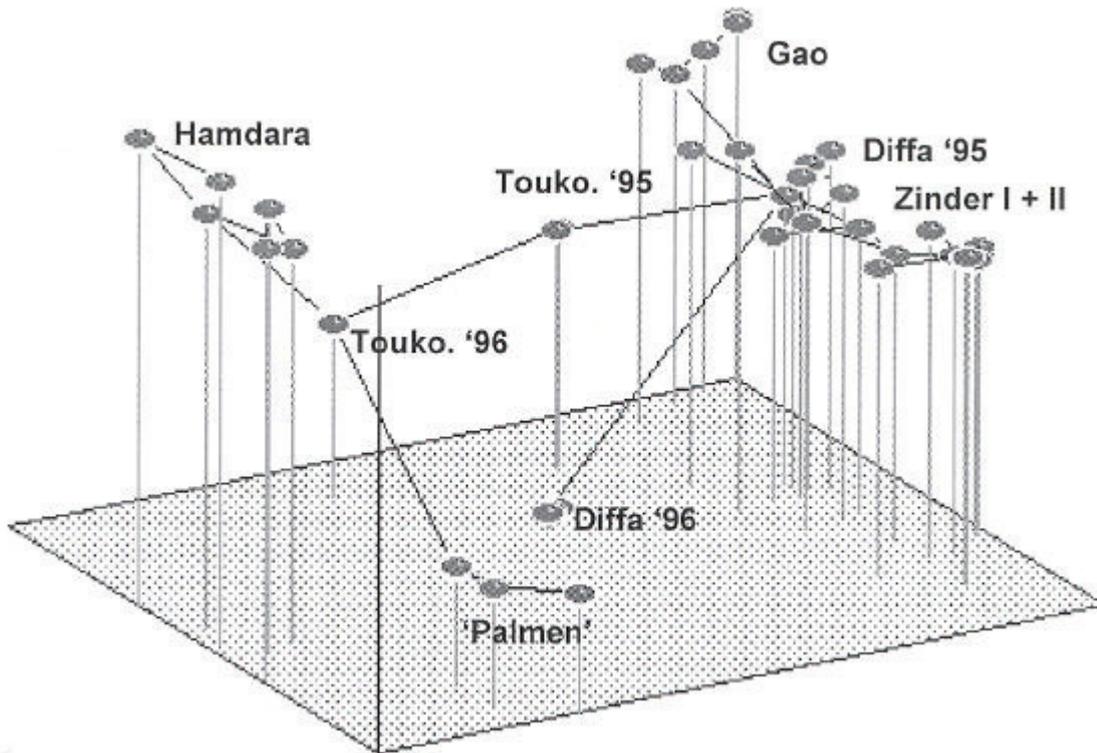


Abb. 6: Darstellung der experimentellen Ergebnisse mit Hilfe eines Minimalbaumes (unrooted tree), (vgl. Abb. 1)

Fig. 6: Presentation of the experimental results by a minimal spanning tree (unrooted tree), (see Fig. 1)

11 Literatur

BACKHAUS, K., B. ERICHSON, W. PLINKE UND R. WEIBER (1996): Multivariate Analysemethoden.

Eine anwendungsorientierte Einführung, 8. Auflage, Springer, Berlin.

BONNIN, I., J.-M. PROSPERI AND I. OLIVIERI (1996): Genetic markers and quantitative genetic variation in *Medicago trunculata* (Leguminosae): A comparative analysis of population structure, *Genetics* **143**, 1795-1805.

EXCOFFIER, L., P.E. SMOUSE AND J.M. QUATTRO (1992): Analysis of molecular variance inferred from metric distances among haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* **131**, 479-491.

FELSENSTEIN, J.(1988): Phylogenies from molecular sequences: Inference and reliability. *Ann. Rev. Genet.* **22**, 521-565.

GABRIELSEN, T.M., K. BACHMANN, K.S. JAKOBSEN AND C. BROCHMANN (1997): Glacial survival does not matter: RAPD phylogeography of Nordic *Saxifraga oppositifolia*. *Mol.Ecol.* **6**: 831-842.

- GOODMAN, S.J. (1997): R_{ST} Calc: a collection of computer programs for calculating estimates of genetic differentiation from microsatellite data and determining their significance. *Mol. Ecol.* **6**, 881-885.
- HEDRICK, P.W. (1975): Genetic similarity and distance: Comments and comparisons. *Evolution* **29**, 362-366.
- HINTUM VAN, TH.J.L. (1995): Hierarchical approaches to the analysis of genetic diversity in crop plants. In: [T. HODGKIN, A.H.D. BROWN, TH.J.L. VAN HINTUM AND E.A.V. MORALES (EDS.)] Core collections of plant genetic resources. Editors., IPGRI, Wiley-Sayce Publication.
- HUFF, D.R., R. PEAKALL, P.E. SMOUSE (1993): RAPD variation within and among natural populations of outcrossing buffalograss. *Theor. Appl. Genet.* **86**, 927-934.
- KÖHLER, W., G. SCHACHTEL UND P. VOLESKE (1996): *Biostatistik*, 2. Auflage, Springer, Berlin.
- KUSSEROW, H. (1997): Patterns of genetic diversity in wild forage species and *in situ* conservation in the Sahel, project report (No: 91.7860.901.165), Botanischer Garten und Botanisches Museum, Berlin.
- LANGE, K. (1997): *Mathematical and statistical methods for genetic analysis*. Springer, New York.
- NEI, M. (1972): Genetic distance between populations. *Amer. Naturalist* **106**, 283-292.
- NEI, M. (1996): Phylogenetic analysis in molecular evolutionary genetics. *Ann. Rev. Genet.* **30**, 371-403.
- NORUSIS, M.J. (1992): *SPSS for Windows*. SPSS Inc., Chicago.
- ROHLF, F.J. (1992): *NTSYS-pc*, Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Exeter Software, Setauket, NY 11733.
- SCHÖN, C.C. (1997): *Biometrische Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität – Fallbeispiele*. In diesem Tagungsband.
- SLATKIN, M. (1995): A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics* **139**, 457-462.
- SNEATH, P.H.A. AND R.R. SOKAL (1973): *Numerical taxonomy. The principles and practice of numerical classification*. Freeman, San Francisco.
- SPERLICH, D. (1988): *Populationsgenetik*, 2. Auflage, Fischer, Stuttgart.
- WEIR, B.S. (1996): *Genetic data analysis II*, Sinauer Ass., Massachusetts.
- WENZEL, G. (1997): Gentechnik im Pflanzenbau. *Spektrum der Wissenschaft* **7**, 30-34.
- WILLS, C. (1994): Phylogenetic analysis and molecular evolution. In: [D.W. Smith (ed.)] *Biocomputing. Informatics and genome projects.*, Academic Press, San Diego.

Biometrische Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität - Fallbeispiele

Application of different biometrical methods for description of genetic diversity

CHRIS CAROLIN SCHÖN¹ UND WOLFGANG LINK²

Zusammenfassung

Für die Erfassung der genetischen Diversität von Zuchtmaterial werden Linien oder Populationen mittels phänotypischer oder molekularer Marker charakterisiert und für paarweise Kombinationen dieser Genotypen die genetische Distanz bzw. Ähnlichkeit berechnet. Die graphische Darstellung der Ergebnisse und die Reduktion der Information auf wenige Dimensionen erfolgt in der Regel durch Cluster- und/oder Hauptkomponenten- bzw. Hauptkoordinatenanalysen.

Am Beispiel der partiell allogamen Fababohne (*Vicia faba* L.) werden Ergebnisse verschiedener biometrischer Methoden zur Analyse der genetischen Diversität demonstriert. 28 Fababohnen-Inzuchtlinien aus dem mitteleuropäischen Minor-, Major- und dem mediterranen Formenkreis wurden mit RAPD-Markern charakterisiert und die genetische Ähnlichkeit mit drei verschiedenen Ähnlichkeitsmaßen (DICE, JACCARD und Simple Matching) geschätzt. Eine graphische Darstellung der Ergebnisse erfolgte mittels Cluster- und Hauptkoordinatenanalysen. Die Ergebnisse zeigten, daß die derzeit verfügbaren biometrischen Methoden bei hoher Qualität der Markerdaten gut geeignet sind, die im Zuchtmaterial vorhandene genetische Diversität widerzuspiegeln, wobei die Wahl der Analysemethode anwendungsbezogen erfolgen sollte.

Summary

¹ Universität Hohenheim
Landessaatzuchtanstalt (720)
Fruwirthstraße 21
70593 Stuttgart

² Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen

Genetic diversity of germplasm can be assessed by calculation of genetic similarity coefficients among lines or populations based on morphological and/or molecular marker data. Generally, clustering methods and principal coordinate or principal component analyses are used for reducing the dimensionality of the data and for graphical representation of the relationships among genotypes. In this paper the application of different biometrical methods for data analysis is presented.

Twenty-eight faba bean lines from the European minor, major and the Mediterranean germplasm group were characterized with RAPD markers and genetic similarity among lines was estimated using three different similarity coefficients (DICE, JACCARD and Simple Matching). For graphical presentation of results cluster and principal coordinate analyses were used. Grouping of faba bean lines was in accordance with expectations for all methods used.

1 Fallbeispiel - Genetische Diversität bei der Ackerbohne

Für die Analyse der genetischen Diversität in Zuchtmaterial steht eine Vielzahl von Verfahren zur Verfügung. Jede Analyse besteht aus einem mehrstufigen Prozeß. Zuerst müssen anhand von Markerdaten genotypische Unterschiede zwischen dem zu untersuchenden Material erfaßt werden. Danach wird auf der Basis dieser Daten die genetische Distanz berechnet und das Ergebnis mit Hilfe multivariater Methoden dargestellt.

Bereits die Erfassung der genotypischen Unterschiede kann auf unterschiedliche Art und Weise vorgenommen werden. Während in der Vergangenheit vornehmlich Pedigree-Daten und morphologische Marker zur Charakterisierung von Zuchtmaterial herangezogen wurden, werden heute immer mehr molekularbiologische Techniken wie z.B. RFLPs, AFLPs, RAPDs und Mikrosatelliten eingesetzt. Diese Marker unterscheiden sich vor allem in der Art ihrer Vererbung. RFLPs und Mikrosatelliten zeigen kodominante Vererbung und ihre Position auf dem Genom ist meist bekannt. Die dominant vererbten und zufällig verteilten RAPDs und AFLPs werden bei der Analyse der genetischen Diversität meist in Fruchtarten eingesetzt, in denen RFLPs oder Mikrosatelliten nicht verfügbar sind und eine genetische Karte nicht existiert.

2 Berechnung der genetischen Ähnlichkeit

Die Wahl des statistischen Maßes zur Berechnung genetischer Ähnlichkeiten hängt vor allem von der Fragestellung der Studie, vom untersuchten genetischen Material und davon, welches Markersystem zur Erfassung genotypischer Unterschiede verwendet wurde, ab. LINK ET AL. (1995) empfehlen den Ähnlichkeitskoeffizienten von JACCARD (1908) für die Analyse von dominanten Markerdaten, während der Assoziationskoeffizient nach DICE (1945) eher für kodominante Marker verwendet werden sollte. JACCARD- und DICE- Koeffizient unterscheiden

sich in der Wichtung der in beiden Linien gemeinsam vorkommenden Markerbanden. Beide Koeffizienten führen zu identischen Rangkorrelationen bei der Analyse von Inzuchtlinien. Bei der Analyse von heterozygotem Material jedoch zeigen die beiden Koeffizienten unterschiedliche Beziehungen zum Verwandtschaftskoeffizienten. Ein weiteres Ähnlichkeitsmaß, der Simple Matching Koeffizient (SNEATH AND SOKAL, 1973), berücksichtigt im Gegensatz zu DICE und JACCARD auch negative Übereinstimmungen, d.h., fehlt ein Markerallel in zwei zu vergleichenden Linien, das in einer dritten Linie vorhanden ist, wird auch dies als Übereinstimmung gewertet.

Die zwischen den oben beschriebenen Ähnlichkeitsmaßen existierenden Rangkorrelationen können am Beispiel einer Studie zur genetischen Diversität von 28 Fababohnenlinien aus dem mitteleuropäischen Minor-, Major- und mediterranen Formenkreis demonstriert werden (LINK ET AL. 1995). Jede der 28 Linien wurde mit 35 RAPD-Markern charakterisiert. Von den 365 Banden waren 289 polymorph und damit informativ. Monomorphe Banden wurden bei der statistischen Analyse nicht berücksichtigt. Für jede der möglichen 378 paarweisen Linienkombinationen wurde die genetische Ähnlichkeit mit jedem der drei Ähnlichkeitskoeffizienten berechnet. Zwischen den Koeffizienten nach DICE und JACCARD ergab sich wie erwartet eine Rangkorrelation von 1,0. Die Simple Matching Koeffizienten zeigten eine Rangkorrelation von 0,90 zu den DICE- bzw. JACCARD- Koeffizienten.

3 Graphische Darstellung der Ergebnisse

Mittels der Hauptkoordinatenanalyse kann die in der Ähnlichkeitsmatrix der 378 paarweisen Kombinationen enthaltene Information auf wenige Dimensionen reduziert und graphisch dargestellt werden (Abb. 1). Die erste Hauptkoordinate trennte die Minor-Linien deutlich vom mediterranen Formenkreis. Sämtliche Major-Linien lagen zwischen den Minor- und mediterranen Linien. Einzelne Genotypen konnten jedoch nicht wie erwartet zugeordnet werden. Die zwei mediterranen Linien 129T und Pel sowie die Minor-Linie N36 konnten nicht klar von den Major-Formen getrennt werden. Zwei Gründe können hierfür verantwortlich sein. Zum einen mag die *a priori* vorgenommene Einteilung der Linien aufgrund ihrer Korngröße und geographischen Herkunft die wahren genetischen Beziehungen des untersuchten Materials nicht korrekt widerspiegeln. Zum anderen könnte die Markerdatenbasis nicht ausreichend sein, um eine vollständige Differenzierung der Gruppen und einzelner Linien zu gewährleisten. KNAAK (1996) zeigte in RFLP-Untersuchungen an Raps, daß erst ab einer Anzahl von 400 polymorphen Fragmenten Ähnlichkeitskoeffizienten mit ausreichender Genauigkeit geschätzt werden konnten. Dies gilt besonders für die Analyse von verwandtem Material.

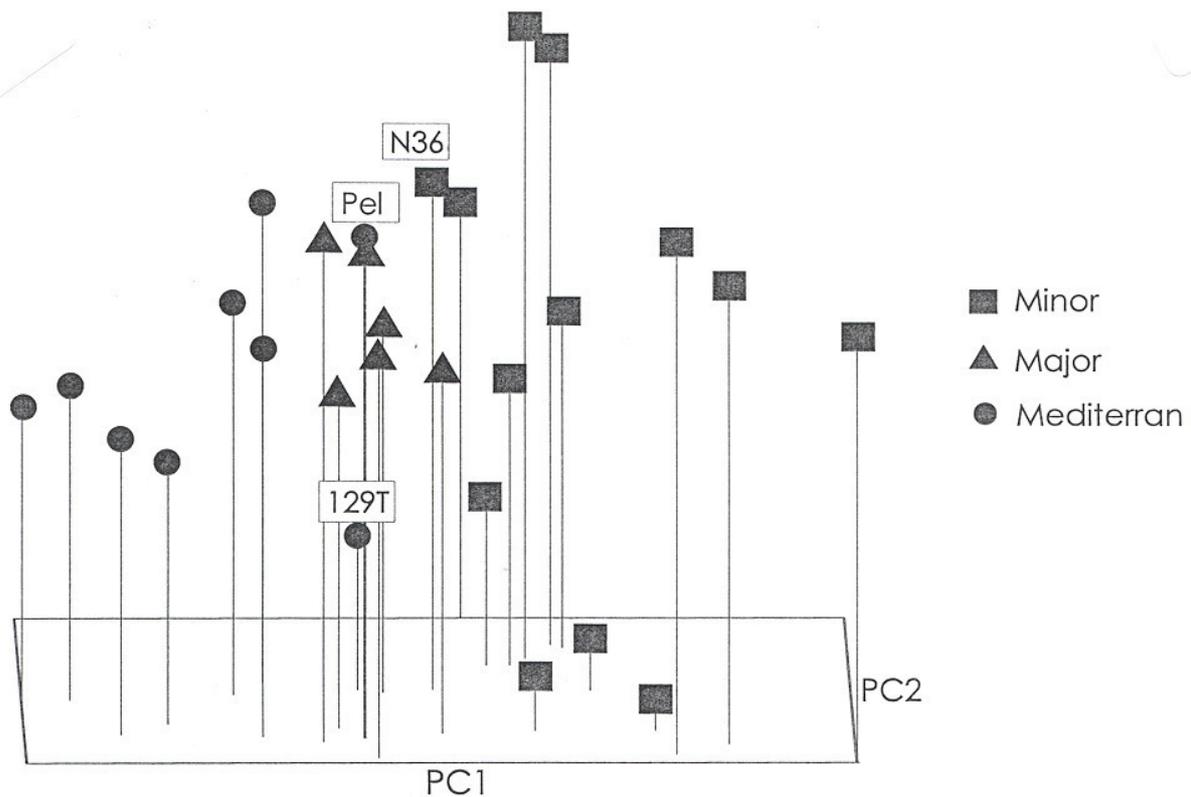


Abb. 1: Gruppierung der 28 Fababohnen-Inzuchtlinien in einer Hauptkoordinatenanalyse basierend auf den mittels RAPD Daten berechneten Schätzwerten der genetischen Ähnlichkeit nach JACCARD.

Fig. 1: Association among 28 faba bean lines revealed by principal coordinate analysis performed on genetic similarity estimates (JACCARD) calculated from RAPD data.

Eine weitere Methode zur graphischen Darstellung der paarweise berechneten Ähnlichkeiten ist die Clusteranalyse. MUMM UND DUDLEY (1994) testeten in einer Studie an 27 Maisinzuchtlinien fünf verschiedene Methoden der Clusteranalyse und kamen zu dem Schluß, daß die UPGMA-Methode (unweighted pair group method using arithmetic averages) die aufgrund von Pedigree-Daten vorausgesagte Einteilung des untersuchten Materials am zuverlässigsten darstellte. Die Clusteranalysen auf der Basis der genetischen Ähnlichkeiten nach DICE und JACCARD führten bei der Zuordnung der 28 Fababohnenlinien zu identischen Ergebnissen, während das auf der Basis von Simple Matching Koeffizienten erstellte Cluster eine leicht veränderte Gruppierung ergab (Abb. 2). Die Linien 129T und N36 wurden in den beiden Dendrogrammen unterschiedlich gruppiert, was die bereits in der Hauptkoordinatenanalyse gefundene Unsicherheit ihrer Zuordnung zu einer der drei Hauptgruppen bestätigte. Beziehungen zwischen verwandten Linien, wie z.B. zwischen den Linien KT42, KT43 und KT47, die aus der Sorte „Kleine Thüringer“ entwickelt wurden, können mit der Clusteranalyse gut dargestellt werden. Aus beiden dendrogrammen war klar ersichtlich, daß unter den 378 möglichen

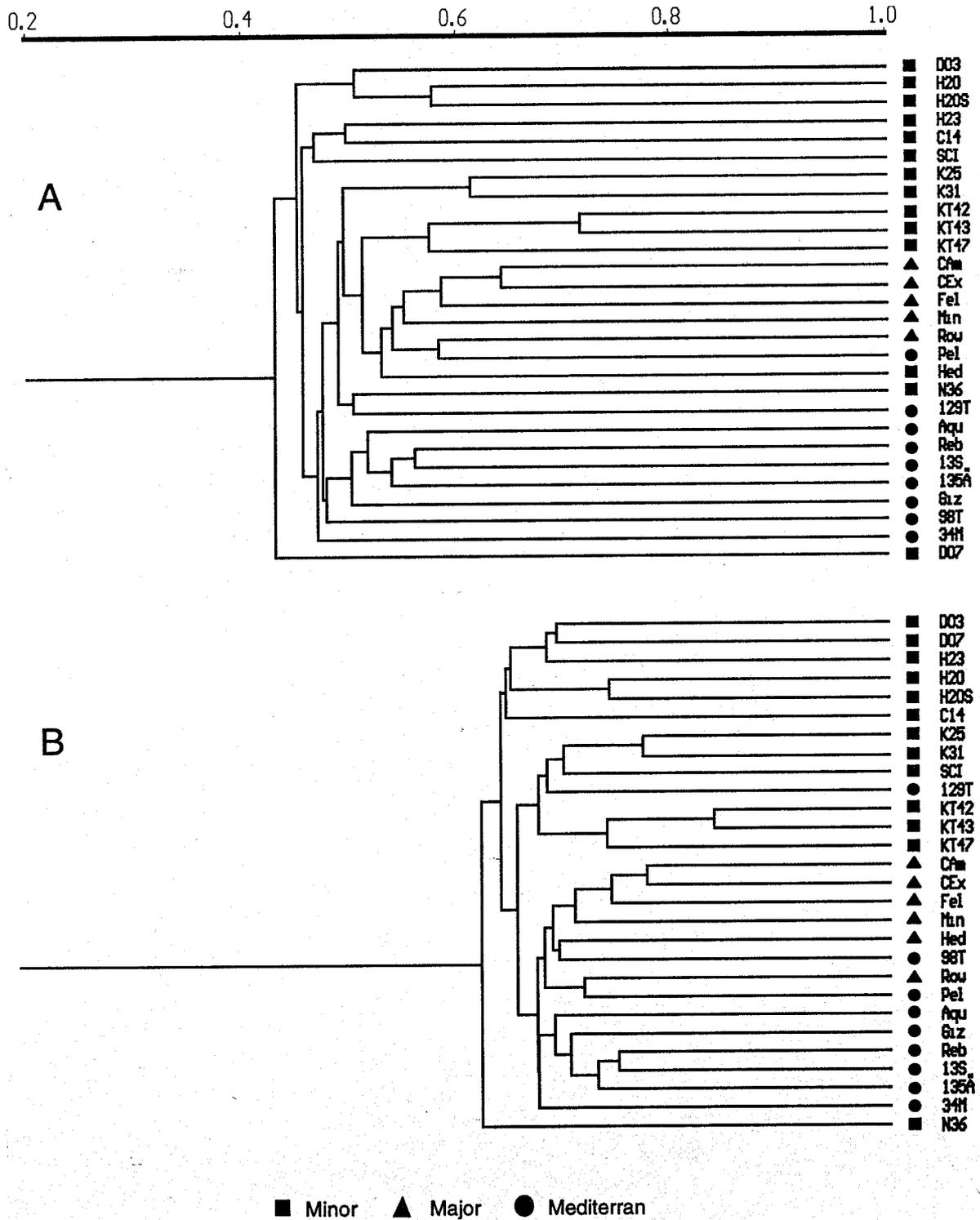


Abb. 2: Dendrogramme der 28 Fababohnen-Inzuchtlinien basierend auf JACCARD- (A) oder Simple Matching- (B) Ähnlichkeitskoeffizienten

Fig. 2: Dendrograms of 28 faba bean inbred lines revealed by UPGMA-cluster analysis based on JACCARD (A) and Simple Matching (B) genetic similarity estimates

paarweisen Kombinationen die größte genetische Ähnlichkeit zwischen den Linien KT42 und KT43 auftrat. Eine Stichprobe von 20 der insgesamt 28 Ackerbohnenlinien wurde zusätzlich in umfangreichen Untersuchungen von SCHILL ET AL. (1997) mit 14 morphologischen Merkmalen an neun Umwelten charakterisiert. Die Analyse und graphische Darstellung dieser auf quantitativen Unterschieden beruhenden Differenzierung der drei Formenkreise wurde mit der Hauptkomponentenanalyse durchgeführt. Ein Vergleich mit der Hauptkoordinatenanalyse der RAPD-Daten ist in Abbildung 3 dargestellt.

Die drei Genpools konnten in der Hauptkomponentenanalyse mit morphologischen Daten deutlich getrennt werden. Auffällig im Vergleich zur Hauptkoordinatenanalyse ist der hohe Anteil der durch die erste Hauptkomponente (PC1) erklärten Variation von 56,8% (Abb.3). Die Linien N36 und 129T wurden im Gegensatz zu der mit RAPD-Daten vorgenommenen Einteilung klar dem Minor- bzw. mediterranen Pool zugeordnet. Die Linie Pel gruppierte auf der Basis der morphologischen Daten eng zu den Minor-Linien und bestätigte damit die Vermutung, daß hier tatsächlich eine genetische Ähnlichkeit zu den europäischen Linien vorliegt, die aufgrund der geographischen Herkunft nicht vorausgesagt werden konnte. Entscheidenden Einfluß auf die Qualität der Analysen hat auch die Auswahl des Sortiments zu untersuchender Genotypen (KNAAK 1996). Durch Hinzufügen oder Weglassen einzelner Linien können sich Veränderungen in der Gruppierung ergeben. Liegen bereits vor Beginn einer Studie zur genetischen Diversität Informationen über Pedigrees, geographische Herkunft oder agronomische Merkmale des zu untersuchenden Materials vor, sollten diese genutzt werden, um vorab Kerngruppen zu definieren.

Jede Kerngruppe sollte durch eine Mindestanzahl von Linien in der zu untersuchenden Stichprobe von Genotypen repräsentiert sein, um so Linien unbekanntem Ursprungs leichter zuordnen zu können. Wie am Beispiel der Fababohnen-Inzuchtlinien gezeigt werden konnte, eignen sich morphologische Daten gut, um Annahmen über mögliche Gruppierungen zu treffen.

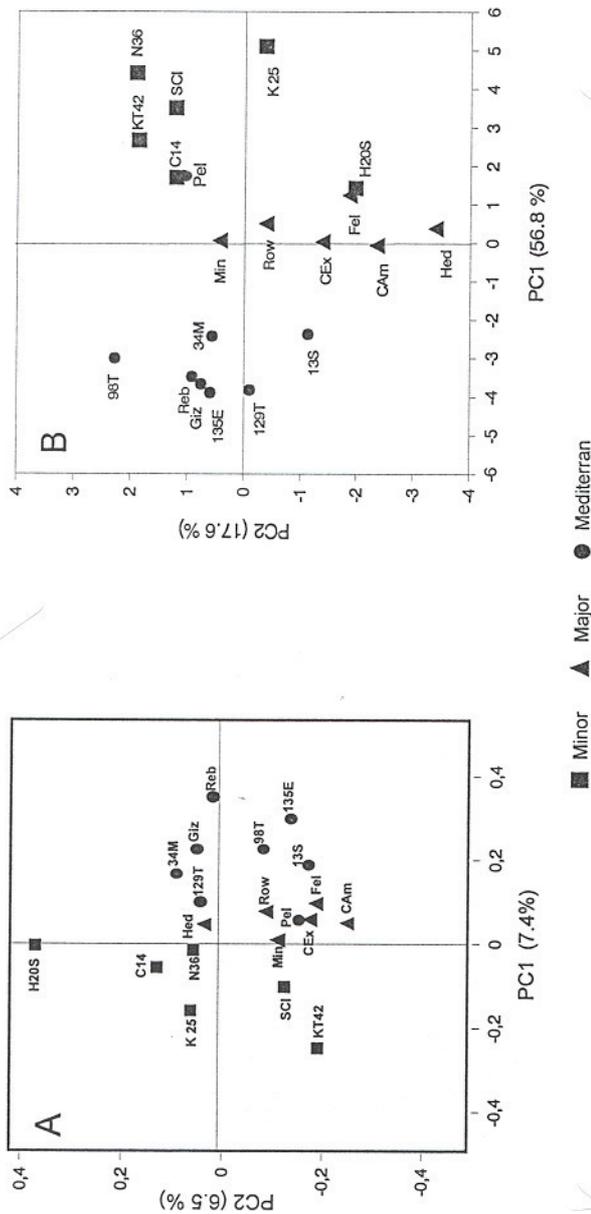


Abb. 3: Vergleich der Gruppierung von 20 Fababohnen-Inzuchtlinien in einer Hauptkoordinatenanalyse (A) der Ähnlichkeitskoeffizienten nach JACCARD basierend auf RAPD-Daten und einer Hauptkomponentenanalyse (B) basierend auf 14 morphologischen Merkmalen

Fig. 3: Comparison of grouping of 20 faba bean inbred lines revealed by principal coordinate analysis (A) based on genetic similarity estimates calculated from RAPD data and by principal component analysis (B) based on 14 morphological traits

4 Schlußfolgerungen

Die derzeit vorhandenen biometrischen Methoden sind bei hoher Qualität der Markerdaten gut geeignet, die im Zuchtmaterial vorhandene genetische Diversität widerzuspiegeln. Die Wahl des genetischen Distanzmaßes hängt vor allem von der Fragestellung der Studie und dem verwendeten Markertyp ab. In der Regel sind die auf verschiedenen biometrischen Ähnlichkeitsmaßen beruhenden Koeffizienten jedoch hoch korreliert. Während die UPGMA-Clusteranalyse sich vor allem für die Charakterisierung von Verwandtschaftsbeziehungen innerhalb von Formenkreisen eignet, kann die Hauptkoordinatenanalyse für die Einteilung des Materials in Formenkreise herangezogen werden. Die Wahl der Analysemethode sollte anwendungs- und fruchtartspezifisch erfolgen, es empfiehlt sich jedoch, die Ergebnisse unterschiedlicher Markerarten und Analyseverfahren zu vergleichen. Existiert eine natürliche, genetisch fundierte Gruppierung in dem zu untersuchenden Material erzielt man in der Regel mit unterschiedlichen Analyseverfahren identische Gruppierungen. Hinweise auf eine unzureichende Datenbasis oder eine nicht eindeutige Zuordnung einzelner Genotypen aufgrund geringer genetischer Ähnlichkeit zu einer der Kerngruppen erhält man durch mangelnde Übereinstimmung der Ergebnisse aus verschiedenen Analysen. Um jedoch eventuell auftretende Unterschiede statistisch abzusichern, bedarf es weiterer Forschung. Vor allem für die Festlegung von Konfidenzintervallen für Ähnlichkeitskoeffizienten, die Bestimmung der Mindestanzahl zu untersuchender Marker und die Vermeidung von durch gekoppelte Marker hervorgerufene redundante Information gibt es heute noch keine befriedigenden Lösungen.

5 Literatur

- DICE, L.R. (1945): Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology* **26**, 297-302.
- JACCARD, P. (1908): Nouvelle recherches sur la distribution florale. *Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat.* **44**, 223-270.
- KNAAK, C. (1996): Schätzung genetischer Distanzen mittels RFLP zur Identifikation von Genpools für die Hybridzüchtung bei Winterraps. Cuvillier Verlag, Göttingen.
- LINK, W., C. DIXKENS, M. SINGH, M. SCHWALL UND A.E. MELCHINGER (1995): Genetic diversity in European and Mediterranean faba bean germ plasm revealed by RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.* **90**, 27-32.
- MUMM, R.H. UND J.W. DUDLEY (1994): A classification of 148 U.S. maize inbreds: I. Cluster analysis based on RFLP. *Crop Sci.* **34**, 842-851.
- SCHILL, B., A.E. MELCHINGER, E. V. KITTLITZ UND W. LINK (1997): Züchterische Brauchbarkeit von Intrapool- und Interpool-Kreuzungen des mitteleuropäischen und mediterranen Genpools bei der Fababohne (*Vicia faba* L.). *Vortr. Pflanzenzüchtg.* **38**, 127-145.
- SNEATH, P.H.A. UND R.R. SOKAL (1973): *Numerical taxonomy*. W.H. Freeman & Co., San Francisco.

Vergleich von Markern und QTL verschiedener genetischer Karten bei Zuckerrüben (*Beta vulgaris* L.)

*Comparison for markers and QTL of different genetic maps in sugar beet (*Beta vulgaris* L.)*

THOMAS WESTERMANN¹ UND EBERHARD WEBER¹

Zusammenfassung

Bei Zuckerrüben wurden Kartierungspopulationen verschiedener Züchter über gemeinsame polymorphe Marker verknüpft und auf gemeinsame QTL untersucht. A und D waren Populationen von Dieckmann-Heimburg, B und C von der KWS AG. Eine Verknüpfung der Populationen war möglich, die Qualität der gemeinsamen Karte hängt von der Zahl der gemeinsamen Marker und dem Informationsgehalt der Populationen (Struktur, Pflanzenzahl) ab. Da die Zahl der gemeinsamen Marker teilweise sehr gering war, sind Aussagen über die Größe und Ähnlichkeit gemeinsamer Bereiche noch sehr unsicher. Das trifft insbesondere auf die Untersuchung der quantitativen Eigenschaften bei den Populationen C und D zu. Für einen effizienten QTL-Vergleich ist eine erheblich größere Zahl an gemeinsamen Markern erforderlich, ist aber für verschiedene Populationen prinzipiell möglich.

Summary

Sugar beet populations from two breeders were used to construct common linkage maps. Populations A and D were from Dieckmann-Heimburg and populations Band C from the KWS AG. It was possible to construct common maps, but the quality depends on the number of common polymorphic markers and the information content of the populations (type and number of plants). Since the number of common polymorphic markers was at the lower limit, only preliminary statements regarding common regions are possible. This includes also statements on common QTL. Quantitative measurements were made for populations C and D, common traits were root yield, sugar content, Na, K, amino N and corrected sugar yield. It is necessary to get more dense maps of common markers for more valuable information on common QTL.

¹

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz
Berliner Str. 2
06188 Hohenthurm

1 Einleitung

Zur Erstellung genetischer Karten werden informative Populationen benötigt, in denen die zu kartierenden Marker polymorph sind. Als Populationstypen sind geeignet: Selbstungsgenerationen ab F₂, rekombinante I-Linien (RIL), verdoppelte Haploide (DH) und Rückkreuzungen (BC), dazu aber auch jede andere Population im Kopplungsungleichgewicht für gekoppelte Marker. Eine ausführliche Darstellung über die Kopplungsanalyse bei verschiedenen Populationstypen findet sich bei WEBER UND WRICKE (1994). Alle diese Populationen hängen in ihrem speziellen Aufbau von den Ausgangslinien ab. Das sind bei den genannten Typen zwei homozygote Linien. Die genetische Basis einer solchen Population ist also nur sehr eng, die daraus erstellte Karte soll aber möglichst repräsentativ sein. Es liegen umfangreiche Untersuchungen vor, die belegen, daß innerhalb einer Art, aber auch über Artgrenzen hinweg, große Genomabschnitte ähnlich aufgebaut sind. Trotzdem ist nur ein Teil der Marker einer Kartierungspopulation in anderen Populationen polymorph, und es ist auch immer mit Umbauten im Genom zu rechnen. Die Fragen können nur untersucht werden über den Vergleich verschiedener Kartierungspopulationen. Dafür sind gemeinsame polymorphe Marker erforderlich. Im folgenden werden insgesamt 4 Kartierungspopulationen bei Zuckerrüben (*Beta vulgaris* L), in denen eine Anzahl gemeinsamer Sonden kartiert wurde, herangezogen und folgende Fragestellungen untersucht: Lassen sich zwei Populationen über gemeinsame Marker für die Konstruktion einer einzigen Karte mit den Markern aus beiden Populationen verwenden? Lassen sich QTL finden, die für mehrere Populationen gemeinsam gelten?

2 Material

Von den 4 Populationen sind drei Populationen vom Typ F₂, die auf die Selbstung einer einzelnen F₁-Pflanze zurückgehen. Da die genetische Konstitution der Eltern der F₁-Pflanze nicht bekannt ist, fehlt für eine vollständige Pedigree-Analyse der Kartierungspopulation eine Generation, jedoch kann bei einer F₂ aus der Kopplung auf den Elterntyp geschlossen werden. Bei der letzten Population, Population B, handelt es sich um eine F₁ x F₁-Population, bei der nicht vollständige Loci, sondern nur Banden als Marker erfaßt wurden. Der Informationsgehalt dieser Population ist damit von vornherein geringer. Die Populationen A und D der Zuchtfirma Dieckmann-Heimburg in Nienstädt wurden am Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Christian-Albrecht-Universität Kiel und die Populationen B und C der KWS AG Einbeck am Max-Planck-Institut Köln molekulargenetisch untersucht. Die Umfänge der Populationen sind in Tab. 1 aufgeführt. Dabei basiert die Numerierung der Chromosomen auf der Einteilung von BUTTERFAß (1964), da es gelungen war, alle 9 Kopplungsgruppen den Trisomen von BUTTERFAß zuzuordnen (SCHONDELMAIER UND JUNG 1997). Quantitative Eigenschaften sind nur in den Populationen C und D erfaßt. Der Markerumfang ist bei Population D noch sehr gering.

Tab. 1: Beschreibung der Zuckerrübenpopulationen

Tab. 1: Description of the sugar beet populations

	Population			
	A	B	C	D
Populationstyp	F ₂	F ₁ x F ₁	F ₂	F ₂
Markertypen	kodom.+dom.	dom.	kodom.+dom.	kodom.+dom.
Anzahl Genotypen	96	49	211	156
Anzahl Marker	333	314	242	44
Anzahl quant. Merkmale	-	-	33	11

Die Zahl polymorpher Marker ist in Tabelle 2 angegeben. Diese Zahl ist in vielen Fällen für eine effiziente Analyse noch zu klein. Die Ergebnisse der gemeinsamen Verrechnung von A mit B und B mit C sind schon anderweitig veröffentlicht worden (SCHUMACHER ET AL. 1997). Es ergab sich, daß der geringe Informationsgehalt der Population B dazu führte, daß die andere Population jeweils die Markerreihenfolge dominierte. Im folgenden wird nur auf die Kombinationen der Population C mit A und mit D näher eingegangen.

Tab. 2: Anzahl gemeinsamer Marker der Zuckerrübenpopulation aus Tabelle 1.

Tab. 2: Number of common markers in the sugar beet populations of table 1

Chromosom ¹	Population			
	A + B	A + C	B + C	C + D
1	6	-	-	-
2	6	3	-	1
3	7	2	2	-
4	7	4	4	1
5	5	4	3	2
6	5	2	4	1
7	4	2	3	3
8	6	2	4	2
9	3	3	6	4
Gesamt	49	22	26	14

1 Nomenklatur nach BUTTERFAß (1964)

Vergleich von Markern und QTL

Auch die Populationen A und C wurden schon von SCHUMACHER ET AL. (1997) gemeinsam verrechnet, jedoch wurden für die Population C in der Zwischenzeit weitere Marker untersucht, und es liegen zusätzlich quantitative Daten vor. Die Population D wurde zunächst im Feld geprüft und für die molekulare Analyse auf der Basis der Variation der Eltern für quantitative Eigenschaften ausgewählt. Daraus erklärt sich auch der relativ geringe Umfang an analysierten Markern.

Tab. 3: Kartenlänge (cM) und Anzahl Marker (n) bei 3 Zuckerrübenpopulationen

Tab. 3: Map length (cM) and number of markers (n) of 3 sugar beet populations

Chromosom ¹	Population									
	A		A + C		C		C + D		D	
	cM	n	cM	n	cM	n	cM	n	cM	n
1	64	312	-	-	256	15	-	-	172	4
2	87	41	133	72	130	34	136	37	78	4
3 ohne C-Enden	71	48	173 175	66 58	176	20	-	-	62	4
4 ohne C-Enden	84	37	154 133	58 56	151	25	147	30	45	6
5	60	26	116	40	110	18	106	21	60	5
6 ohne C-Enden	63	37	208 66	77 45	209	42	221	46	57	5
7 ohne C-Enden ohne A-Anteil	39	31	248 2051 30	88 75 56	108	28	107	29	97	5
8 ohne C-Enden ohne A-Anteil	71	40	323 212 246	69 64 43	258	31	244	34	179	5
9 ohne C-Enden	71	41	142 118	68 65	122	30	122	32	52	6
n gesamt	333		-		243		-		44	
n ohne Chr. 1	301		538		228		-		-	
n ohne Chr. 1 + 3	-		-		208		229		36	

¹ Nomenklatur nach BUTTERFAß (1964)

In Tab. 3 sind die Kartenlänge (Haldane-Kartierungsfunktion) und die Anzahl polymorpher Marker der einzelnen Populationen und der gemeinsamen Populationen angegeben. Da in der gemeinsamen Karte bei einigen Chromosomen ganze Abschnitte zu jeweils nur einer Population gehören, wurde in diesen Fällen auch die Chromosomenlänge unter Elimination dieser Bereiche ermittelt. Alle Berechnungen beruhen auf dem Programmpaket MAPMARKER/EXP 3.0 (LANDER ET AL. 1987) und für QTL auf MAPMARKER/QTL 1.1 (PATERSON ET AL. 1988). Es konnte erreicht werden, daß die Anordnung der gemeinsamen Marker (nur sinnvoll bei mindestens 3 Markern) in allen Fällen für die Einzelpopulationen und die gemeinsame Population identisch war. Tabelle 2 zeigt aber deutlich, daß die Länge der Chromosomen in den Populationen A und C sehr unterschiedlich geschätzt wurde und bei Population C deutlich größer war. In den meisten Fällen entsprach die Länge der gemeinsamen Karte der Länge in C. Einige Probleme sollen nicht verschwiegen werden: Es gab keinen gemeinsamen Marker für A und C auf Chromosom 1, das Chromosom 1 von A ließ sich aber bei der gemeinsamen Karte in Chromosom 7 integrieren. Der Marker KP1194 kartierte in Population A auf Chromosom 3, in Population C auf Chromosom 6 und blieb daher bei Population C und in der Kombination mit A unberücksichtigt. Bei der äußerst geringen Zahl an gemeinsamen polymorphen Markern können daraus aber keine Schlüsse über größere Chromosomenumbauten gezogen werden.

Tab. 4: Anzahl Marker (n) und Kartenlänge (cM) der Populationen A, C und D bei ausschließlicher Nutzung der gemeinsamen Marker

Tab. 4: Number of markers (n) and map length (cM) of populations A, C and D with use of only common markers

Chromosom ¹	A + C	A	A + C	C	C + D	C	C + D	D
	n	cM	cM	cM	n	cM	cM	cM
1	-	-	-	-	-	-	-	-
2	3	18	28	33	1	-	-	-
3	2	5	14	20	-	-	-	-
4	4	36	42	47	1	-	-	-
5	4	54	68	92	2	111	47	20
6	2	16	15	15	1	-	-	-
7	2	4	13	16	3	20	27	45
8	2	17	26	36	2	114	193	97
9	3	45	40	37	4	3	3	4
Anzahl Pflanzen		96	307	211		211	367	156

¹ Nomenklatur nach BUTTERFAB (1964)

Vergleich von Markern und QTL

Wichtig für eine Verknüpfung von Karten ist, inwieweit der Bereich der gemeinsamen Marker ähnlich ist. Dies ist in Tab. 4 zusammengestellt. Während für Population A mit C die Größe der Bereiche ähnlich war (Ausnahme Chromosom 5), gilt dies für den Vergleich von C mit D nicht. Das liegt aber nicht an der Pflanzenzahl, die hoch genug sein dürfte. Genauere Informationen sind aber nur bei einer höheren Zahl an gemeinsam polymorphen Markern möglich. Als Beispiel ist in Abb. 1 Chromosom 5 für die Populationen A und C dargestellt.

Leider liegen Messungen zu den quantitativen Eigenschaften nur zu den Populationen C und D vor. Der Grund lag darin, daß die Populationen A und B von den Züchtern nicht weitergeführt worden sind. Hier sollen nur die bei beiden Populationen erfaßten Merkmale Rübenertrag, Zuckergehalt, Kalium, Natrium und Amino-N und bereinigter Zuckerertrag (CSY) herangezogen werden, da es darum geht, zu prüfen, ob QTL in beiden Populationen gemeinsam auftreten. Dies kann auch nur für die Chromosomenbereiche zwischen gemeinsamen Markern abgeschätzt werden. Hier wirkt sich ungünstig aus, daß dies nur für die Chromosomen 5, 7, 8 und 9 möglich, bei Chromosom 9 mit 4 gemeinsamen Markern der Bereich extrem eng und bei Chromosom 5 das Intervall für C und D extrem unterschiedlich breit ist.

Im folgenden wurde von der Population C, die an mehreren Orten in Deutschland und Italien ohne Cercospora-Befall und mit künstlicher (Einbeck) und natürlicher Infektion geprüft wurde, nur Einbeck ohne Befall herangezogen. Zu dem zweiten Ort in Deutschland bestand eine sehr enge Korrelation für die betrachteten Merkmale. Bei der Population D, die insgesamt an 5 Orten stand, wurden auf der Basis der Korrelationskoeffizienten zwei Mittelwerte gebildet, und zwar einmal aus den zwei Rizomania-Standorten, zum anderen aus den drei Normalstandorten.

Die Ergebnisse bei Chromosom 5 sind in Abb. 2 für die Merkmale Natrium und bereinigter Zuckerertrag in Form von LOD-Kurven dargestellt. Große LOD-Werte weisen auf Chromosomenbereiche hin, in denen ein QTL vermutet werden kann. Um einen Vergleich zu ermöglichen, mußten die gemeinsamen Bereiche zuvor auf gleiche Länge gebracht werden. Die gemeinsamen Marker waren MP0040, MP0074 und KP0782. Es handelt sich hier um einen ersten Versuch bei Zuckerrüben, Aussagen über die gemeinsame Lage von QTL zu gewinnen. Die Kurven erlauben noch keine Beantwortung der Frage nach gemeinsamen QTL. Ähnlich fielen auch die Ergebnisse für andere Chromosomen und Merkmale aus. Es bedarf für genauere Analysen einer hohen Zahl gemeinsam polymorpher Loci, damit molekulargenetisch vergleichbare Bereiche sicher genug identifiziert werden können. Das ist aber für eine Nutzung in der Züchtung eine Voraussetzung.

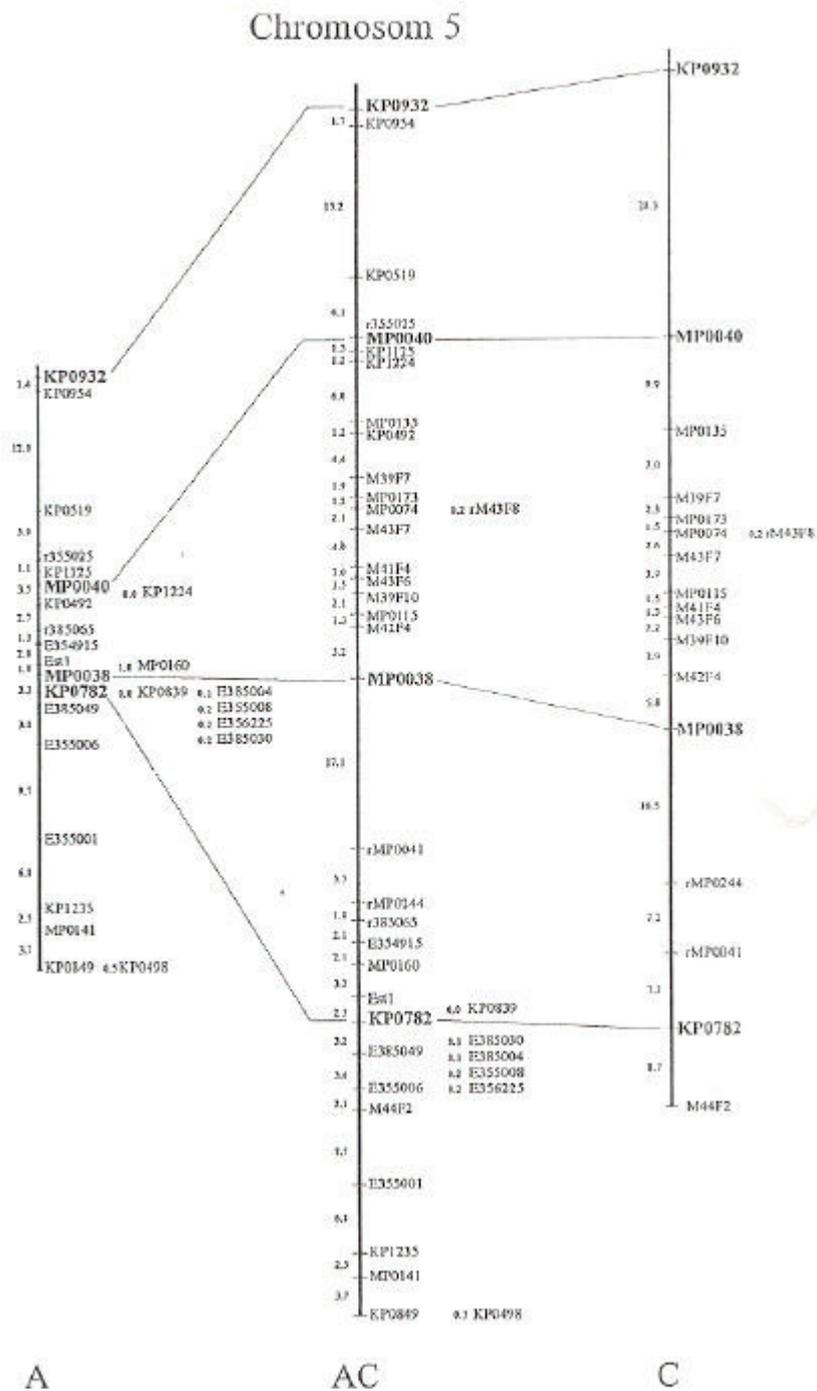


Abb. 1: Vergleich der gemeinsamen Karte mit den Einzelkarten der Populationen A (Dieckmann) und C (KWS) für Chromosom 5 der Zuckerrübe
 Fig. 1: Comparison of the common and separate maps of populations A (Dieckmann) and C (KWS) for chromosome 5 of sugar beet

Vergleich von Markern und QTL

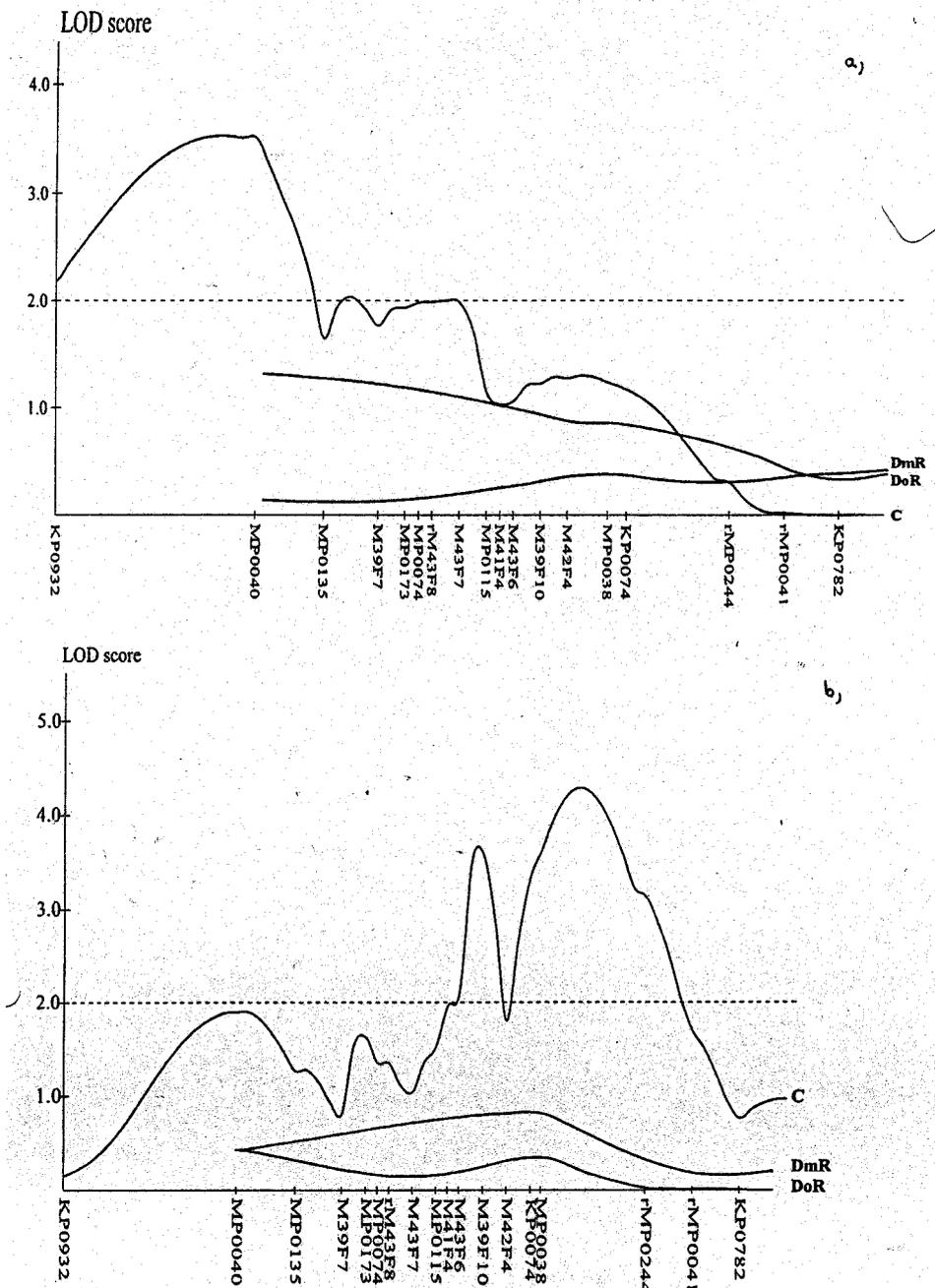


Abb. 2: LOD-Kurven für die Merkmale Natrium (a) und bereinigter Zuckerertrag (b) bei Chromosom 5 der KWS-Population C (ein Normalstandort) und der Dieckmann-Population D (DoR = Mittel aus drei Normalstandorten, DmR = Mittel aus 2 Rizomaniastandorten). Der gemeinsame Bereich zwischen den Markern MP0040 und KP0782 wurde auf die gleiche Länge gebracht

Fig. 2: LOD curves for Na (a) and corrected sugar yield (b) of chromosome 5 in the KWS population C (no Rizomania) and Dieckmann population D (DoR = without, DmR = with Rizomania). The common region between MP0040 and KP0782 was changed to the same length

3 Danksagung

Die Arbeiten wurden im Rahmen des Teilprojektes BEO 22/0310625A im Verbundprojekt „Identifizierung und Charakterisierung von Genen und Genkomplexen durch markerunterstützte Selektion am Beispiel Zuckerrübe“ (Koordinator: G. Wricke, Hannover) durchgeführt. Den beteiligten Zuchtbetrieben Dieckmann-Heimburg in Nienstädt und der KWS AG Einbeck sowie den Instituten für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Christian-Albrecht-Universität Kiel und dem Max-Planck-Institut Köln sei für die Überlassung der Daten für diese Analyse herzlich gedankt.

4 Literatur

- BUTTERFAß, H. (1964): Die Chloroplastenzahlen in verschiedenartigen Zellen trisomer Zuckerrüben (*Beta vulgaris* L.). Z. Botanik **52**, 46-77.
- LANDER, E. S., P. GREEN, J. ABRAHAMMSON, A. BARLOW, AND M. DALY (1987): MAPMAKER: An interactive computer package for constructing primary linkage maps of experimental and natural populations. Genomics **1**, 174-181.
- PATERSON A., E. LANDER, S. LINCOLN, J. HEWITT, S. PETERSON AND S. TANKSLEY (1988): Resolution of Quantitative Traits into Mendelian Factors Using a Complete RFLP Linkage Map. Nature **335**, 721-726.
- SCHONDELMAIER, J. AND C. JUNG (1997): Chromosome assignment of the nine linkage groups of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) using primary trisomics. Theor. Appl. Genet. (in press).
- SCHUMACHER, K., J. SCHONDELMAIER, E. BARZEN, G. STEINRÜCKEN, D. BORCHARDT, W. E. WEBER, C. JUNG AND F. SALAMINI (1997): Combining different linkage maps in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) to make one map. Plant Breeding **116**, 23-38.
- WEBER, W.E., AND G. WRICKE (1994): Genetic Markers in Plant Breeding. Adv. Plant. Breeding **18**, 1-105, Paul Parey, Berlin.

EVA - Biometrische Aufbereitung und Präsentation von Evaluierungsdaten

EVA - Biometrical Analysis and Presentation of Evaluation Data

SIEGFRIED HARRER¹

Zusammenfassung

Genetische Ressourcen gewinnen sowohl in der praktischen Pflanzenzüchtung als auch in der Züchtungsforschung zunehmend an Bedeutung. Neue Zuchtziele wie z.B. industrielle Verwertung, Resistenzen gegen Virose, pilzliche Erreger oder Insekten oder auch Toleranzen gegenüber abiotischem Streß setzen eine entsprechende genetische Variabilität in den Genpools voraus. Eine mögliche Quelle hierfür sind Sammlungen pflanzengenetischer Ressourcen z.B. in Genbanken. Züchter und Züchtungsforscher sind deshalb in hohem Maße abhängig von der Verfügbarkeit von Information über deren Eigenschaften. Für Züchtungszwecke sind zuverlässige Informationen über Evaluierungsdaten wie z.B. Ertrag, agronomische Leistung, Resistenz- und Qualitätseigenschaften am wichtigsten. Ziel des Projekts EVA ist deshalb der Aufbau eines Informationssystems für Evaluierungsdaten pflanzengenetischer Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Im Rahmen des Projekts EVA wird eine Online-Datenbank (EVA) im Internet erstellt, wobei verschiedene Datenquellen zusammengefaßt werden. Hierfür wurde bereits eine neue Datenstruktur entwickelt. Ferner ist es notwendig, die Daten zu prüfen, deren bisherige Struktur zu reorganisieren und Methoden für eine gemeinsame statistische Auswertung und Präsentation aller Daten zu entwickeln. Ein Prototyp steht bereits für Online-Recherchen im Internet zur Verfügung (<http://www.genres.de/eva/>).

Summary

The use of genetic resources in practical breeding as well as in breeding research programs becomes more and more necessary. New breeding aims such as industrial use, resistance against viruses, insects or fungi or even reduced susceptibility to abiotic stress require a large genetic variability in such programs. One possible source for this variability are collections of genetic resources. Therefore, breeders and researchers are highly dependent on the availability of information about the characteristics of these genetic resources. For breeders, reliable information about evaluation traits such as yield, agronomic performance, resistance

¹ Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI)
Informationszentrum für Genetische Ressourcen (IGR)
Villichgasse 17
53177 Bonn

and quality are most relevant. The aim of the EVA project is therefore the development of an information system for evaluation data of plant genetic resources in the Federal Republic of Germany. The information system EVA will be established as an Online database with worldwide access via Internet. Different data sources have to be combined in the system, therefore a standard data structure had to be developed, data have to be checked and their structure have to be reorganized and, finally, methods for a combined statistical analysis and presentation of all data must be developed. For Online requests a prototyp is already available (<http://www.genres.de/eva/>) in the Internet.

1 Einleitung

Die züchterische Bearbeitung neuer Zuchtziele wie z.B. industrielle Verwertung, Virusresistenzen oder Toleranz gegen abiotischen Streß setzt eine entsprechende genetische Variabilität in den Genpools voraus. Sammlungen pflanzengenetischer Ressourcen (PGR) sind eine mögliche Quelle für derartige genetische Variabilität und stellen aus diesem Grunde eine wesentliche Voraussetzung für Pflanzenzüchtung und Züchtungsforschung dar. Um die Nutzung der in den PGR vorhandenen genetischen Variabilität zu gewährleisten, muß einerseits der Zugang zum Material selbst gewährleistet sein, andererseits sollten die Eigenschaften der PGR möglichst umfassend beschrieben und für den Nutzer entsprechend aufbereitet und einfach zugänglich sein. Für eine züchterische Nutzung sind hier in erster Linie Informationen über Evaluierungsmerkmale relevant. Diese Merkmale umfassen die Zuchtzielgruppen Ertrag, Qualität, Resistenz und agronomische Leistung und unterliegen in ihrer Ausprägung alle einem mehr oder minder großen Umwelteinfluß. Auf die sich daraus ergebenden Schwierigkeiten bei der Beschreibung und Auswertung des Datenmaterials wird später noch genauer eingegangen.

In der Bundesrepublik Deutschland bestehen bei den unterschiedlichsten Einrichtungen umfangreiche Sammlungen an PGR landwirtschaftlicher Kulturpflanzen. Diese Sammlungen stellen aufgrund ihrer im Material enthaltenen genetischen Vielfalt ein wertvolles Potential dar. Eine Nutzung dieser Ressourcen durch Züchtung und Forschung wird derzeit dadurch erschwert, daß Informationen über Werteigenschaften einzelner Muster für potentielle Nutzer nicht bzw. nur sehr eingeschränkt zur Verfügung stehen.

Ziel des vom BML geförderten Projekts EVA ist der Aufbau eines zentralen Informationssystems für Evaluierungsdaten pflanzengenetischer Ressourcen. Durch die Zusammenführung von vorhandenen und neu hinzukommenden Evaluierungsdaten aus Genbanken und anderen Sammlungen sowie von amtlichen Sortenprüfungen soll die Nutzung dieser Ressourcen für Forschung und Züchtung erleichtert werden. Um eine optimale Zugänglichkeit zu gewährleisten, wird das System als Online-Informationssystem im Internet etabliert. Die Zusammenführung der Daten aus verschiedenen Quellen in ein einheitliches System mit einheitlicher Datenstruktur ermöglicht einerseits zusätzliche statistische Auswertungen über den gesamten Datenpool, andererseits ist durch die Nutzung des Mediums Internet eine einfache Verknüpfung zu weiteren Datenquellen möglich. Die Grundlagen für die geplante Verknüpfung und gemeinsame biometrische

Auswertung dieser Datenbestände werden beispielhaft zunächst an Gerste und zeitlich versetzt an Kartoffel und Obst entwickelt und geprüft.

2 Das Projekt EVA

2.1 Aufgaben und Ziele

Im Rahmen des Verbundprojektes EVA wird eine Online-Datenbank im Internet erstellt. Das Informationszentrum für Genetische Ressourcen (IGR) der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI) in Bonn übernimmt dabei die Projektkoordination, die Entwicklung der Nutzeroberflächen und Datenbanksysteme sowie die Aktualisierung des Angebots im Internet. Um eine flexible Abfrage zu gewährleisten, wird EVA mit einer Schnittstelle an die zentrale Dokumentation der deutschen pflanzengenetischen Ressourcen (GENRES, <http://www.genres.de>) gekoppelt. Dadurch besteht die Möglichkeit einer Verknüpfung zu anderen Datengruppen wie Passport-, Charakterisierungs-, Gefährdungs-, Literatur- oder Metadaten.

Für das Projekt werden durch die weiteren beteiligten Projektpartner umfangreiche Datenbestände bereitgestellt, u.a. werden in der Genbank des Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben Daten zu ca. 11.650 Genbankmustern (Akzessionen) bei Gerste EDV-gerecht erfaßt und bereitgestellt. Weiterhin werden Daten von 2.000 Kartoffelakzessionen sowie 2.500 Obstakzessionen in den Genbankaußenstellen in Groß Lüsewitz bzw. in Dresden-Pillnitz erfaßt. Das Institut für Epidemiologie und Resistenz der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) in Aschersleben stellt Daten von umfangreichen Resistenzuntersuchungen (Pilzkrankheiten, Virose und Blattläuse) bei 6.000 Gerstenakzessionen bereit. Durch die Genbank der BAZ in Braunschweig werden Daten von ca. 8.000 Gerstenakzessionen für das Projekt zur Verfügung gestellt. Die Arbeitsgruppe Datenspeicher des Institutes für Acker- und Pflanzenbau der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg stellt Daten von Sortenversuchen der neuen Bundesländer aus den Jahren 1980-89 sowie Daten der Landessortenversuche für alle Bundesländer ab dem Jahr 1990 bereit. Desweiteren erfolgt hier die Entwicklung von Algorithmen zur Auswertung und Zusammenfassung von Daten aus den unterschiedlichen Umwelten sowie die Berechnung der entsprechenden Parameter für das gesamte Datenmaterial.

2.2 Datenstruktur

Es ist vorgesehen, die Informationen in diesem System hierarchisch über verschiedene Stufen zugänglich zu machen. Auf der ersten Stufe des Zugangs zur Information kann der Nutzer die wichtigsten Merkmale aus den Bereichen Passport, Charakterisierung und Evaluierung (Tab. 1) für Genbankmuster (Akzessionen) und/oder Sorten recherchieren.

Tab. 1: Merkmale der ersten Informationsstufe am Beispiel Gerste

Tab. 1: Traits of the first information level for barley

Passportdaten	Charakterisierungsmerkmale	Evaluierungsmerkmale
Institutsnummer	Annualität	Ertrag
Nummer der Akzession	Wuchshöhe	Proteingehalt
Name der Akzession	Zeiligkeit	Neigung zum Lager
Andere Nummern	Zeitpunkt Ährenschieben	Winterfestigkeit
Botanischer Name	Zeitpunkt Reife	Auswuchs
Status der Akzession	Ährendichte	Ausfall
Ursprungsland	TKG	Resistenz gegen Blattläuse
Institutsnummer des Donors		Resistenz gegen Mehltau
Nummer der Akzession beim Donor		Resistenz gegen Gelbrost
Züchter		Resistenz gegen Braunrost
Jahr der Zulassung		Resistenz gegen <i>Rhynchosporium</i>
Abstammung		Resistenz gegen Netzflecken
Sammelnummer		Resistenz gegen BaYDV
Sammeldatum		Resistenz gegen BaYMV
Fundort		Resistenz gegen BaYMMV

Auf dieser Stufe steht für jedes Merkmal nur ein aggregierter Wert zur Verfügung, welcher alle zu diesem Merkmal verfügbare Information beinhaltet. Die Aggregation dieser Information soll mittels statistischer Methoden, auf welche noch im weiteren eingegangen werden wird, oder durch „Expertenwissen“ erfolgen. Dieser aggregierte Wert, z.B. „resistent“ im Falle einer Krankheit, wird über die Möglichkeiten der HTML-Programmierung mit detaillierterer Information in einer zweiten Informationsstufe verknüpft. Im Falle der oben erwähnten Krankheit könnten dies die Boniturnittelwerte über Orte und Jahre (soweit vorhanden) sein. Die eigentlichen Rohdaten/Beobachtungswerte würden auf einer darunterliegenden dritten Informationsstufe zusammen mit zusätzlicher Information zur Beschreibung des Experiments / Versuchs

ebenfalls zugänglich sein. Die meisten dieser Deskriptoren entsprechen der FAO/IPGRI Multi Crop Passport Descriptor Liste (LIPMANN ET AL 1997) sowie der IPGRI List „Descriptors for Barley“ (IPGRI 1994). An zusätzlichen Informationen (soweit verfügbar) wurden u.a. Name des Züchters, Zulassungsjahr und Abstammung mit aufgenommen.

2.3 Auswertungsverfahren

Durch die vorgesehene zusammenfassende Auswertung aller Daten sowie die Berechnung zusätzlicher Parameter lassen sich u.a. die umweltabhängig variierenden Eigenschaften der geprüften Genotypen besser beschreiben. Eine besondere Schwierigkeit besteht allerdings darin, daß im Gegensatz zu geplanten Versuchsserien im vorliegenden Falle keine einheitlichen Standard- bzw. Vergleichssorten zur Verfügung stehen. Zudem ist aus methodischen Gründen zwischen quantitativen und qualitativen Merkmalen zu unterscheiden. Da das gesamte Datenmaterial bezogen auf Jahre nicht orthogonal ist, erfolgt die Auswertung für jedes Jahr getrennt. Bei den Daten aus Landessortenversuchen stehen meist Daten mehrerer pflanzenbaulicher Intensitätsstufen zur Verfügung; um die Reaktion der Genotypen auf Umwelteinflüsse aber besser erkennen zu können, erfolgt für EVA die Berechnung statistischer Maßzahlen nur mit Daten aus der geringsten Intensitätsstufe.

In Abhängigkeit von dem zur Verfügung stehenden Datenmaterial ist für quantitative Merkmale derzeit vorgesehen, für jedes Merkmal nachfolgende Parameter zu berechnen: Arithmetischer Mittelwert, Minimum und Maximum sowohl für jede Sorte/Akzession als auch die jeweilige Vergleichsbasis aller orthogonal mitgeprüften Sorten/Akzessionen. Das soll eine bessere Einordnung der jeweiligen Werte ermöglichen. Die Variationskoeffizienten sowohl für jede Sorte als auch für die Vergleichsbasis werden ebenso ermittelt wie die prozentuale Differenz jeder Sorte / Akzession zur Vergleichsbasis. Durch die Berechnung der Ökovalenz nach WRICKE (1962, 1964 und 1965) sowie einer Regressionsanalyse (STEGEMANN ET AL. 1995, UND WRICKE 1965) soll die Wechselwirkung zwischen Sorte/Akzession und Umwelt besser beschrieben werden.

Bei qualitativen Merkmalen (Bonituren) ist zusätzlich zu unterscheiden, ob die Bonituren aus Versuchsserien (z.B. LSV-Daten) stammen oder aus detaillierten Resistenzuntersuchung (z.B. aus der BAZ) bzw. aus Genbankvermehrungsanbau. Im Falle detaillierter Resistenzuntersuchungen bietet sich an, die Akzessionen durch den die Untersuchungen durchführenden Wissenschaftler (soweit dies noch möglich ist) bezüglich ihres Resistenzverhaltens zu beurteilen. Dadurch ist eine Einteilung der Akzessionen in Klassen (z.B. resistent, mittel, anfällig) möglich. Darüber hinaus ist auch hier vorgesehen, die Originalwerte der Untersuchungen in einer darunterliegenden Informationsstufe zugänglich zu machen. Bei Daten aus Versuchsserien sollen zu den Boniturnoten die relativen Rangzahlen (HEINE UND WEBER 1982) je Sorte und Ort ermittelt und deren Verteilung geprüft werden (SACHS 1974). Dadurch ist eine bedingte Einschätzung der Wechselwirkungen mit den Umwelten möglich. Bei Daten aus Genbankvermehrungsanbau werden zum

Boniturwert jeweils Minimum und Maximum im gleichzeitig angebauten Sortiment ermittelt, um eine bessere Beurteilung der Werte zu ermöglichen.

2.4 Prototyp des Informationssystems

Seit kurzem steht im Internet (Abb. 1, <http://www.genres.de/eva/>) eine On-line-Version von EVA zur Verfügung. Dieser erste Prototyp beinhaltet die Gerstendaten (auszugsweise) der Genbank der BAZ in Braunschweig sowie erste Daten des Instituts für Epidemiologie und Resistenz der BAZ in Aschersleben. Hierbei handelt es sich um Daten von rassespezifischen Mehlauresistenzuntersuchungen an Gerstenmustern der Genbank des IPK in Gatersleben. Eine weitergehende statistische Auswertung und Aggregation wurde aufgrund der bisher nicht abgeschlossenen methodischen Arbeiten der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Arbeitsgruppe Da-tenspeicher, noch nicht vorgenommen. Um den Nutzern einen einfachen Überblick über die bisherigen Daten zu ermöglichen, wurde ein Teil der Daten in Abhängigkeit von den vorhandenen Boniturnoten grob klassifiziert (Abb. 2).

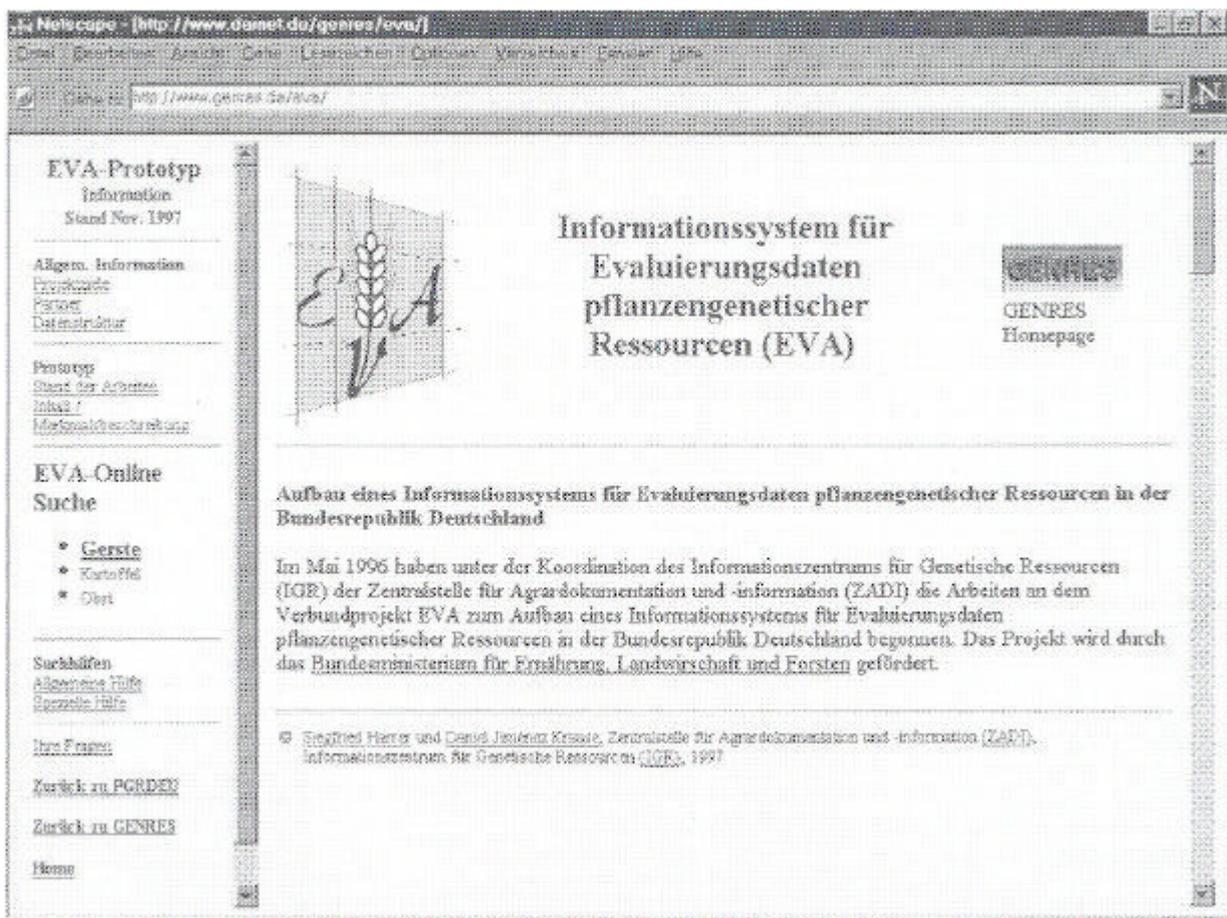


Abb. 1: Homepage des Informationssystems EVA

Fig. 1: Homepage of the EVA Information System

3 Weitere Informationssysteme für Evaluierungsdaten

Weltweit betrachtet existieren erst wenige Online-Informationssysteme für Evaluierungsdaten wie z.B. bei SINGER (<http://www.cgiar.org/singer/index.htm>), der Nordic Gene Bank (<http://www.ngb.se/>) oder beim Centre for Genetic Resources, the Netherlands (CGN) (<http://www.cpro.dlo.nl/cgn/>). Das am besten ausgebaute System, Umfang und Recherchemöglichkeiten betreffend, ist mit Sicherheit das GRIN-System (<http://www.ars-grin.gov/>) des US-Landwirtschaftsministeriums. In Abbildung 3 sind die komfortablen Recherchemöglichkeiten an einem Beispiel für Gerste aufgeführt.

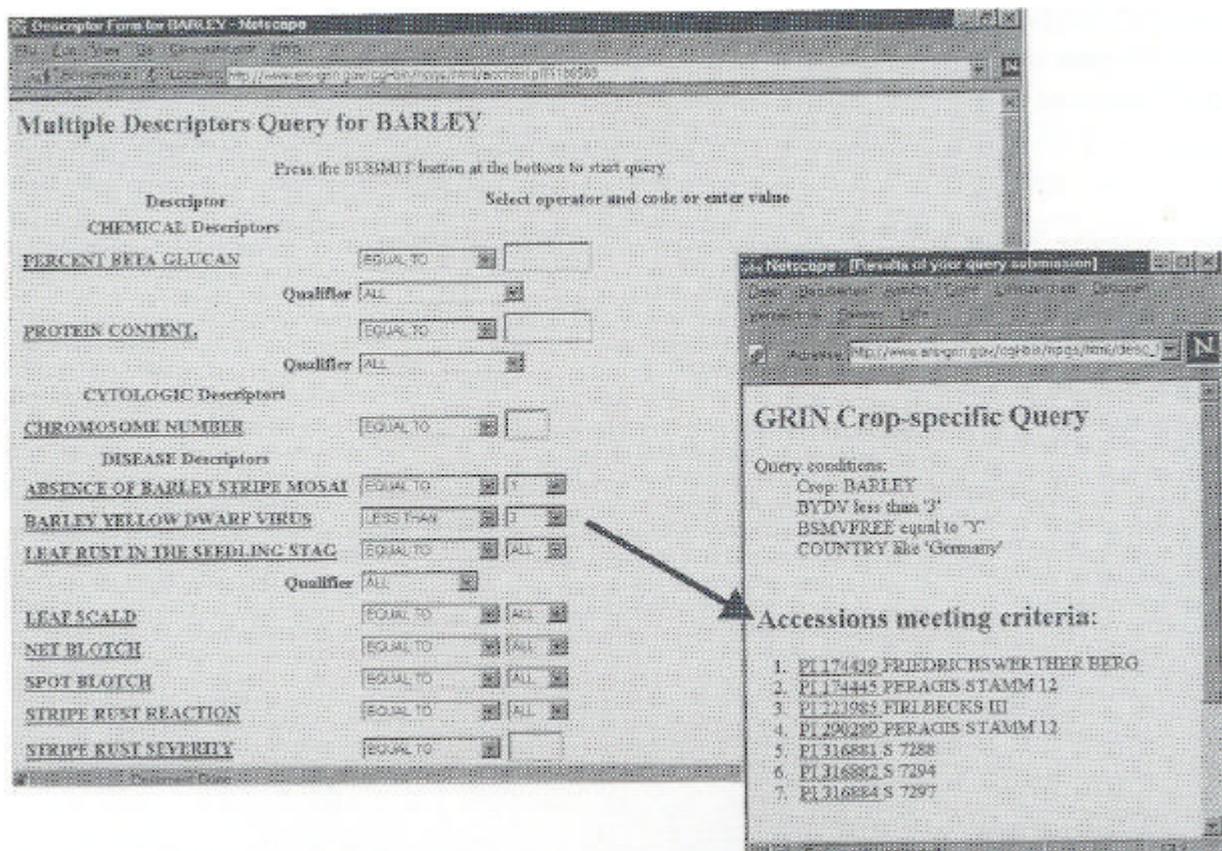


Abb. 3: Beispiel für eine Online-Recherche für Gerste in GRIN

Fig. 3: Example for an online query on barley in GRIN

Bezüglich der statistischen Auswertungen bestehen jedoch deutliche Unterschiede zum vorliegenden Projekt EVA. Die im GRIN-System angeführten Werte sind meist jeweils das Ergebnis einer einzelnen Studie (Abb. 4), d.h. in der Regel ist es im GRIN-System nicht notwendig bzw. möglich, Daten aus verschiedenen Umwelten (Orte und/oder Jahre) auszuwerten. Im Falle von Resistenz- oder Qualitätsdaten werden bei diesen Untersuchungen z.T. je Akzession mehrere Werte ermittelt und durch die beteiligten Wissenschaftler

in einem einzigen Wert zusammengefaßt. Die anderen agronomischen Eigenschaften werden meist mittels Beobachtungen an einer nicht wiederholten Parzelle in einer Umwelt ermittelt. Weitergehende Auswertungen zur Beschreibung der umweltabhängigen Variation sind mit derartigen Daten nicht möglich.

The image shows two overlapping browser windows from the GRIN database. The background window, titled 'GRIN Observation and Evaluation Data - Netscape', displays 'Observations for accession' for PI 223985. It contains a table with the following data:

Category	Descriptor	Value	Qualifier	Study
DISEASE	BSMVFREE	neg. absence of bsmv		BSMV FREE 93
	BYDV	1		WINT. R. DAVIS 87
	NEIBLOTCH	6		ATHENS NET 88
	SPOTBLOTCH	6		ATHENS SPOT 87
	STRIPRUSRE	susceptible		
	STRIPRUSV	70		
GROWTH	HABIT	spring		
INSECT	RUSSAPHID	plant death o		
	RWALEAFROL	leaves rolled		
MORPHOLOGY	SPIKEROV	two rowed		

The foreground window, titled 'Netscape - (Data combination information)', shows the 'Evaluation: BARLEY.BSMV.FREE.93' page. It includes the following information:

- Site: National Small Grains Collection Location: Idaho, United States
- Methods: Field/Lab evaluations for the Barley Stripe Mosaic Virus. Tested 1993.
- Researchers:
 - Edwards, M., USDA-ARS
 - Timman, R., USDA-ARS
 - Urse, L., USDA-ARS
 - Boeckelman, H., USDA-ARS
- Descriptors:
 - BSMVFREE (1924 Accessions)

At the bottom of the foreground window, there are navigation links: '| USDA | ARS | GRIN | NPGS | New Search |'.

Abb. 4: Ergebnis einer Online Recherche für Gerste im GRIN

Fig. 4: Result of an online query on barley in GRIN

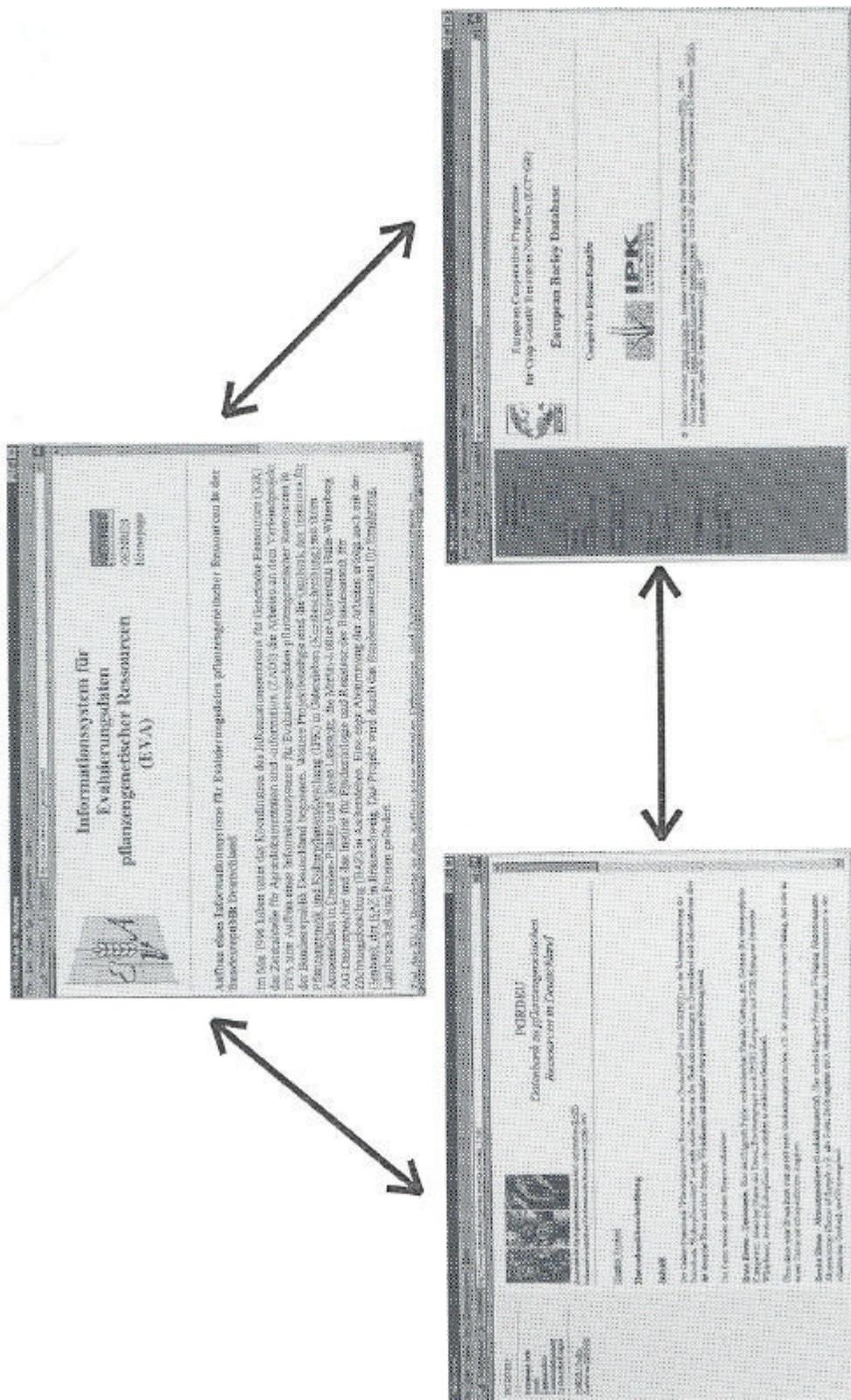


Abb. 5: EVA als Baustein in einem Informationssystem für PGR

Fig. 5: EVA as one part of an information system for PGR

4 Informationssystem für PGR

Das Informationssystem EVA ist als ein Baustein für ein umfassendes Informationssystem für pflanzengenetische Ressourcen zu sehen. Derzeit entstehen sowohl im nationalen als auch im internationalen Bereich weitere Online-Informationssysteme bzw. werden bereits bestehende Systeme entsprechend ausgebaut. Das Medium Internet bietet sich mit seinen Möglichkeiten an, verschiedene Informationsquellen miteinander zu verknüpfen. Das EVA-System soll u.a. mit PGRDEU, der „Datenbank zu pflanzengenetischen Ressourcen in Deutschland“ (<http://www.genres.de/pgrdeu/>) und der „European Barley Database“ (<http://www.dainet.de/eccdb/barley/>) verknüpft werden (s. Abb. 5). Damit kann auf der Ebene der Akzessionen die insgesamt verfügbare Information (Evaluierungsdaten aus EVA, Passportdaten aus PGRDEU bzw. European Barley Database) einfach und komfortabel recherchiert werden. Auch andere Verknüpfungen (auf der Ebene der Spezies) sind bereits geplant, z.B. zu speziellen Datenbanken über Pflanzenkrankheiten, Forschungsprojekte im Agrarbereich etc.. Dadurch soll gewährleistet werden, daß dieselbe Information nicht mehrfach in verschiedenen Systemen abgespeichert werden muß. Hierdurch läßt sich nicht nur das Aktualisierungsproblem lösen; auch die Effizienz wird merklich gesteigert, da die einzelnen Systeme nicht durch Daten belastet werden, welche bereits in anderen Systemen recherchierbar sind.

5 Literatur

- HEINE, H. UND W.E. WEBER (1982): Die Aussagekraft statistischer Maßzahlen für die phänotypische Stabilität in amtlichen Sortenprüfungen bei Winterweizen und Körnermais. *Z. Pflanzenzüchtung* **89**, 89-99.
- IPGRI (1994): Descriptors for Barley (*Hordeum vulgare* L.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- LIPMAN, E., M.W.M. JONGEN, TH. J. L. VAN HINTUM, T. GASS AND L. MAGGIONI (EDT.) (1997): Central Crop Databases: Tools for Plant Genetic Resources Management. 75-78. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy/CGN, Wageningen, The Netherlands.
- SACHS, L. (1974): Angewandte Statistik. Springer Verlag Berlin, Heidelberg, New York.
- STEGEMANN, K., H. DÖRFEL UND V. WEISE (1995): Methodische Untersuchungen zur Sekundärauswertung von Sortenversuchen bezüglich der Ertragsstabilität von Sorten mit Hilfe der Ökoregression. *Arch. Acker-Pfl. Boden.* **39**, 389-400.
- WRICKE, G. (1962): Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. *Z. Pflanzenzüchtung* **47**, 92-96.
- WRICKE, G. (1964): Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. *Z. Pflanzenzüchtung* **52**, 127-138.
- WRICKE, G. (1965): Die Erfassung der Wechselwirkung zwischen Genotyp und Umwelt bei quantitativen Eigenschaften. *Z. Pflanzenzüchtung* **53**, 266-343.

Concept and application of core collections in genebanks

THEO J.L. VAN HINTUM¹

Summary

A core collection was defined in 1984 as „a limited set of accessions which represents, with a minimum of repetitiveness, the genetic diversity of a crop species and its wild relatives“. Since then the concept has changed into „a germplasm collection optimally representing specific genetic diversity“, implying that size, type and origin of a core collection depends on the requirements of the compiler.

The general procedure of creating a core collection can be divided in four steps:

- 1) Define the material that should be represented, i.e. the domain of the core collection.
- 2) Divide the domain in types, which should be genetically as distinct as possible.
- 3) Choose the number of entries in the core, and allocate them over the types.
- 4) Select the entries from each type that are to be included in the core.

The concept is being developed further. Examples of new applications are the „user definable core collection“, in which the potential user can define his own core collection, and the „bulk core collection“, where accessions of a common type are bulked to form an entry of the core. But at all times it should be kept in mind that core collections are created to improve the accessibility and utility of the entire collection, and never to replace it.

1 Introduction

A major problem of the management of *ex situ* plant genetic resources (PGR) is the low accessibility of the collections. This low accessibility is a result of the size and the number of the collections of many crops, and the quality of their documentation, which is often very poor. As a result the collections are not utilized as they could, since the user doesn't know how to choose. Another result is that the management of the resources is not optimal; the curator of the collections is not able to determine what material needs to be added, or which material is redundant. Worldwide the number of PGR accessions was estimated in 1996 to be 6.1 million in 1308 genebanks (FAO 1996). Wheat was the largest

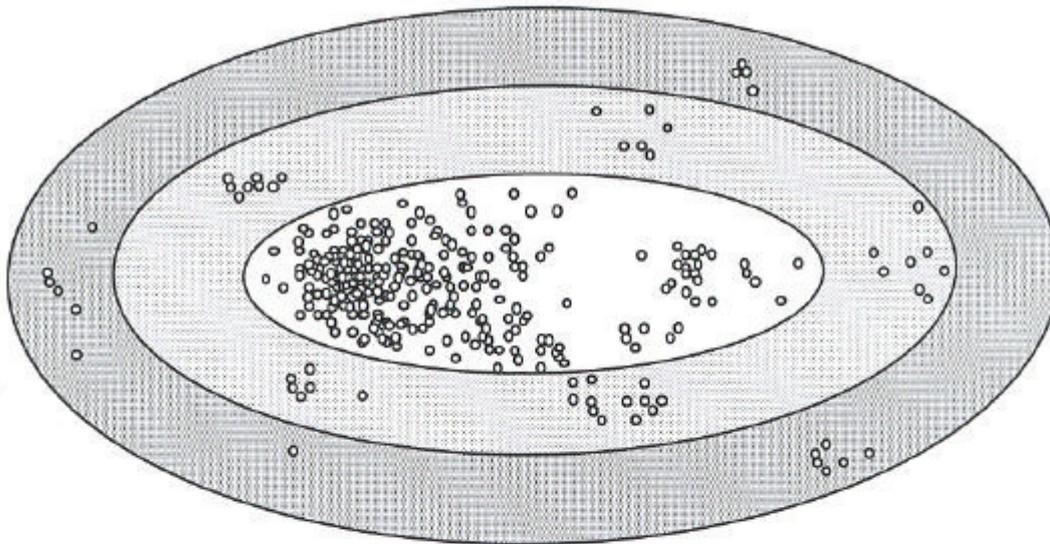
¹

CPRO-DLO (CGN)
P.O. Box 16
NL-6700 AA Wageningen
The Netherlands

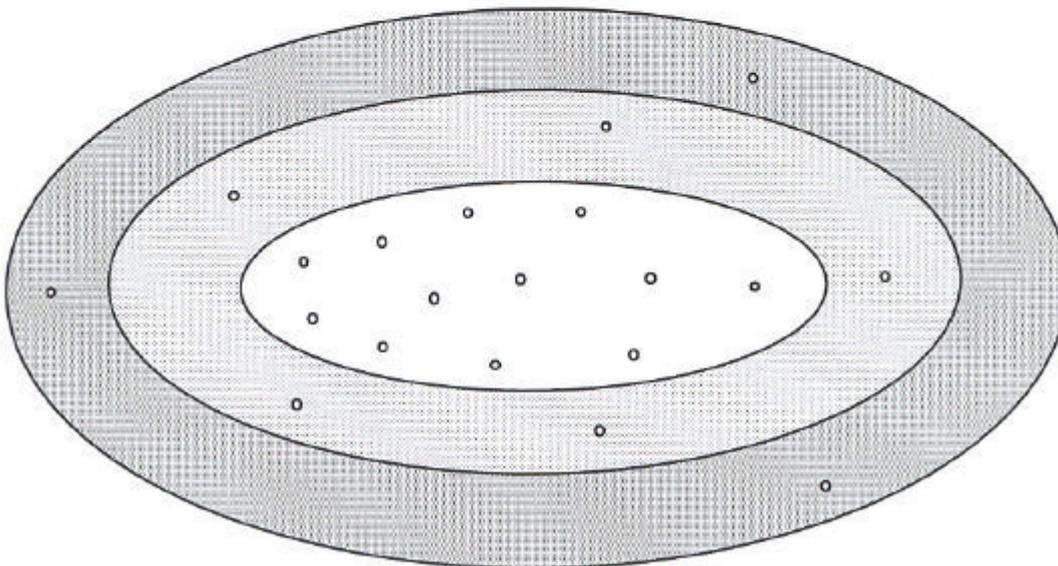
contributor to this number with 744.500 accessions, followed by barley and rice with 485.000 and 408.500 accessions respectively. To improve this situation it has been proposed to select a limited set of accessions from a collection with as much genetic diversity as possible. Such a selection would offer a good starting point for searches for new traits (VAUGHAN 1991), and could be used for in-depth evaluation increasing the knowledge of the entire collection (KNÜPFER AND HINTUM 1994). FRANKEL (1984) introduced this concept and called the resulting collection a „core collection“. It was further developed by FRANKEL and BROWN (1984) and BROWN (1989a, 1989b). Since those early rather theoretical publications many curators have been working with the concept resulting in a body of practical experience. The concept evolved from a theoretical idea into an applicable method with many variations. In this paper this general method for creating a core collection will be described on a practical level, and illustrated with some examples.

2 The concept of core collections

Core collections were first defined as „a limited set of accessions which represents, with a minimum of repetitiveness, the genetic diversity of a crop species and its wild relatives“ (FRANKEL 1984). This was later modified into „a limited set of accessions derived from an existing germplasm collection, chosen to represent the genetic spectrum in the whole collection, and including as much as possible of its genetic diversity“ (BROWN 1994). A germplasm collection is in general the result of historical events and arbitrary decisions; events such as collecting missions, or research programs donating their material, led to overrepresentation of specific material (the clusters in Fig.1.), whereas other types of material have been relatively underrepresented (the open areas in Fig.1.). A core collection will try to cover all diversity representing all types of material. Since the first definition of a core collection, the genebank community has used the concept and as a result, it has changed considerably. It can now be defined as „a germplasm collection optimally representing specific genetic diversity“, implying that size, type and origin of a core collection depends on the requirements of the compiler. A core collection can be based on a single existing collection or on several existing collections, but it can also be a newly created entity. It can represent the diversity in a complete genus, including wild species, but also the diversity in a small part of the genepool. It can contain as much diversity as possible, but can also give higher priority to a certain type of material, reducing the total amount of diversity captured. Examples of published core collections are those representing the complete US germplasm collection of peanut (HOLBROOK ET AL. 1993), cultivated *Brassica oleracea* in European collections (BOUKEMA AND HINTUM 1994), lentil accessions from Chile, Greece and Turkey (ERSKINE AND MUEHLBAUER 1991), the entire genepool of *Hordeum* (HINTUM ET AL. 1990), local maize populations with a good combining ability (RADOVIC AND JELOVAC 1994) and *Pisum sativum* germplasm with disease resistance (MATTHEWS AND AMBROSE 1994).



model of a germplasm collection with 250 accessions



model of a core collection with 20 accessions

Fig. 1: Model of a germplasm and a core collection. The circles represent the primary, secondary and tertiary gene pool.

3 General methodology for creating a core collection

A random selection from a germplasm collection will be a better representation of the genetic diversity in the collection as compared to a sequential set, like, for example, the accessions with numbers 8201 to 8485 (VAUGHAN 1991). A simple improvement that can be proposed (SPAGNOLETTI ZEULI AND

QUALSET 1993) is sampling equidistant regarding accession number, for example include all accessions with accession numbers ending with a five or a zero if 20 percent is to be selected for inclusion. But the selection of a more refined core collection is slightly more complicated.

The general procedure for creating a core collection can be divided in four steps:

- 1) Define the material that should be represented, i.e. the domain of the core collection. This can be a crop and its wild relatives, but can also be a small part of the diversity of a crop such as material with specific traits or from a specific origin region.
- 2) Divide the domain in types, which should be genetically as distinct as possible. This can be accomplished stepwise, first making the most important divisions like that in distinct taxa, and subsequently splitting these groups up in smaller ones, etcetera. This exercise might end with groups such as „white cabbages from France“ (BOUKEMA AND HINTUM 1994) or „pea landraces from Mongolia“ (MATTHEWS AND AMBROSE 1994). In several examples of core collections one or more groups are added consisting of genetic stocks, reference material, or accessions with specific known traits such as disease resistances. These groups, though not comparable with the groups representing types of material with a common genetic background, can add to the practical value of a core collection, and can thus increase its use.
- 3) Choose the number of entries in the core, and allocate them over the types based on the relative importance of, and diversity in the type. Again a stepwise procedure can be followed; after the first division of the domain, it can be decided how many entries should be allocated to each group, and after each subsequent subdivision of a group the entries allocated to that group should be divided over the subgroups. If no relative importance of the groups can be determined, for example because it is not yet known how important or diverse the groups might be, it is possible to use an allocation algorithm. Several algorithms have been proposed such as the constant, proportional and logarithmic strategies which are based on the number of accessions in the groups (BROWN 1989b).
- 4) Select the entries from each type that are to be included in the core. This selection can be made randomly, or if additional data are available, on the basis of these data. The objective should be to best represent the diversity in the group. Also practical considerations can play a role in this choice, such as the availability of the seeds and the reliability and quantity of the data on the accession, since it is desirable to have readily available, authentic and well documented material in the core.

In the case of the previously mentioned „random core“ and „equidistant core“ the domain was not divided in genetically distinct types, and the choice of entries was random and equidistant respectively. A rationally devised core would be preferable: if it would have been possible to divide the domain in two types, an improvement of the quality of the core could already be expected (ERSKINE AND MUEHLBAUER 1991).

4 The application and future development of the core collection concept

Core collections were invented to increase the accessibility of germplasm collections; low accessibility implies low utilization and difficult management. A core collection offers a good starting point for searches for new traits, and can be used for in-depth evaluation increasing the knowledge of the entire collection. Many published examples clearly show their utility for these purposes. In the current EU genetic resources program, core collections are a standard component of the projects and also the USDA genetic resources program has developed core collections for many of its crops. The quality of these standard core collections can be expected to improve in the coming period thanks to the new possibilities for validation on the basis of molecular markers (LERCETEAU 1997, TOHME 1996).

But the core concept can also be developed further. Two possible developments will be discussed here: the „user definable core collection“ and the „bulk core collections“.

The „user definable core collection“ might be defined as „a selection from a germplasm collection optimally representing the genetic diversity as interactively defined by the user“. In this concept the potential user can, possibly via internet,

- 1) define the domain of the core collection on the basis of passport and/or evaluation descriptors,
- 2) choose from pre-defined divisions of the domain, and finally
- 3) decide on the allocation of entries over types.

The final selection of entries is made by the system supporting the user definable core collection. This system will need, apart from the usual documentation of the underlying germplasm collections, information about the genetic structure of that collection. New tools, such as the „path-indicator“ (BOUKEMA ET AL. 1997) are currently being developed to make this type of information accessible.

A „bulk core collection“ can be defined as „a germplasm collection created by bulking accessions of another collection in genetically distinct groups“. Whereas in a „normal“ core collection the entries are selected from the types resulting from previous divisions of the domain, in a bulk core collection these accessions are bulked to form a single entry. These entries will thus, initially, contain all genetic diversity available within the corresponding types. The material within a bulk entry can be allowed to recombine by crossing or, in the case of cross-pollinators, by simply growing them out. A bulk core collection can be a good starting point for creating material which might be much more appealing to the user than the current accessions in germplasm collections. It can be used in population breeding programs, exposing them to natural selection, mild mass selection, or ‘feeding’ them with adapted germplasm.

Experiences with the composite crosses of barley (SUNESON 1963) and alternative bulk approaches (KANNENBERG AND FALK 1995, VETELÄINEN ET AL. 1996) show the potential of exotic germplasm when put in an adapted genetic background.

5 Bottom line

At all times it should be remembered that core collections offer an approach to improve the accessibility and utility of „normal“ germplasm collections. They are never created to replace them!

6 References

- BOUKEMA, I.W. AND TH.J.L. VAN HINTUM (1994): *Brassica oleracea*, a case of an integral approach to genetic resources conservation. In: F. BALFOURIER AND M.R. PERRETANT (EDS) Evaluation and Exploitation of Genetic Resources, Pre-Breeding. Proceedings of the Genetic Resources Section Meeting of Eucarpia, 123-129.
- BOUKEMA, I.W., TH.J.L. VAN HINTUM AND D. ASTLEY (1997): The creation and composition of the *Brassica oleracea* core collection. Plant Genetic Resources Newsletter (in press)
- BROWN, A.H.D. (1989a): A case for core collections. In: A.H.D. BROWN, O.H. FRANKEL, D.R. MARSHALL AND J.T. WILLIAMS (EDS) The Use of Plant Genetic Resources. Cambridge University Press, Cambridge. pp 136-156.
- BROWN, A.H.D. (1989b): Core collections: a practical approach to genetic resources management. Genome **31**, 818-824.
- BROWN, A.H.D. (1994): The core collection at the crossroads. In: T. HODGKIN, A.H.D. BROWN, TH.J.L. VAN HINTUM AND E.A.V. MORALES (EDS.) Core Collections of Plant Genetic Resources. John Wiley and Sons, UK.
- ERSKINE, W., AND F.J. MUEHLBAUER (1991): Allozyme and morphological variability, outcrossing rate and core collection formation in lentil germplasm. Theoretical and Applied Genetics **83**, 119-125.
- FAO (1996): Report on the State of the World's Plant Genetic Resources. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.
- FRANKEL, O.H. (1984): GENETIC PERSPECTIVES OF GERMPASM CONSERVATION. IN: W. ARBER, K. LLIMENSEE, W.J. PEACOCK AND P. STARLINGER (EDS.), Genetic Manipulation: Impact on Man and Society, Cambridge University Press, Cambridge, 161-170.
- FRANKEL, O.H. AND A.H.D. BROWN (1984): Plant genetic resources today: a critical appraisal. In: J.H.W. HOLDEN AND J.T. WILLIAMS (EDS.) Crop Genetic Resources: Conservation & Evaluation. George Allen and Urwin Ltd. London, 249-257.
- HINTUM, TH.VAN, R.VON BOTHMER, G. FISCHBECK AND H. KNÜPFER (1990): The Establishment of the Barley Core Collection. Barley Newsletter **34**, 41-42.
- HOLBROOK, C.C., W.F. ANDERSON AND R.N. PITTMAN (1993): Selection of a core collection from the U.S. germplasm collection of peanut. Crop Science **33**, 859-861.
- KANNENBERG, L.W. AND D.E. FALK (1995): Models for activation of plant genetic resources for crop breeding programs. Canadian Journal of Plant Science **75**, 45-53.
- KNÜPFER, H. AND TH.J.L. VAN HINTUM (1994): The Barley Core Collection - an international effort. In: T. HODGKIN, A.H.D. BROWN, TH.J.L. VAN HINTUM AND E.A.V. MORALES (EDS.) Core Collections of Plant Genetic Resources. John Wiley and Sons, UK.

- LERCETEAU, E., T. ROBERT, V. PETIARD AND D. CROUZILLAT (1997): Evaluation of the extent of genetic variability among *Theobroma cacao* accessions using RAPD and RFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics* **95**, 10-19.
- MATTHEWS, P. AND M.J. AMBROSE (1994): Development and use of a „core“ collection for the John Innes Pisum collection. In: F. BALFOURIER AND M.R. PERRETANT (EDS) *Evaluation and Exploitation of Genetic Resources, Pre-breeding. Proceedings of the Genetic Resources Section Meeting of Eucarpia*, 99-107.
- RADOVIC, G. AND D. JELOVAC (1994): The possible approach in maize „core collection“ development. In: F. BALFOURIER AND M.R. PERRETANT (EDS) *Evaluation and Exploitation of Genetic Resources, Pre-breeding. Proceedings of the Genetic Resources Section Meeting of Eucarpia*. pp 109-115.
- SPAGNOLETTI ZEULI, P.L. AND C.O. QUALSET (1993): Evaluation of five strategies for obtaining a core subset from a large genetic resource collection of durum wheat. *Theoretical and Applied Genetics* **87**, 295-304.
- SUNESON, C.A. (1963): Breeding techniques - composite crosses and hybrid barley. in: *Barley Genetics I*, Wageningen, 303-309.
- TOHME, J., D.O. GONZALEZ, S. BEEBE AND M.C. DUQUE (1996): AFLP analysis of gene pools of a wild bean core collection. *Crop Science* **36**, 1375-1384.
- VAUGHAN, D.A. (1991): Choosing rice germplasm for evaluation. *Euphytica* **54**, 147-154.
- VETELÄINEN, M., E. NISSLÄ, P.M.A. TIGERSTEDT AND R. VON BOTHMER (1996): Utilization of exotic germplasm In: *Nordic barley breeding and its consequences for adaptation. Euphytica* **92**, 267-273.

Züchterische Nutzung monogenisch bestimmter Eigenschaften

Use of monogenic traits in plant breeding

G. WENZEL¹, B. FOROUGH-WEHR², A. LÖSSL¹ UND A. JAHOR¹

Zusammenfassung

Monogenische Eigenschaften bestimmten die Entwicklung der Genetik höherer Pflanzen. Beginnend mit Farbgenen gewannen monogenische Resistenzeigenschaften zentrale züchterische Bedeutung. Wegen der oft nur begrenzten Dauerhaftigkeit solcher Resistenzen wurde nach schnelleren Züchtungstechniken gesucht, so z.B. der Einsatz Doppelhaploider. Die Nutzung von Genen, die einem monogenischen Erbgang folgen, wird mit zunehmender Kenntnis über die Genfunktionen wachsen. Zunächst werden molekulare Marker eine markergestützte Selektion ermöglichen, mit der die Selektion auf erwünschte Eigenschaften sicherer und schneller wird; dann wird auch die Pyramidisierung von Monogenen durchführbar. Bei der Nutzung molekulargenetischer Werkzeuge sollte man neben dem Kerngenom die Bedeutung der in den Zellorganellen lokalisierten Information nicht vergessen. Auch dort gibt es monogenisch verankerte Eigenschaften, deren Rekombination und Verbesserung z.B. durch Zellfusionstechniken gelingt.

Summary

The development of genetics was driven by monogenic traits. Starting with genes for pigmentation monogenes controlling resistances gained a central importance in breeding programs. Since such genes often were not very durable, faster breeding procedures were developed, like e.g. the use of doubled haploids. The importance of monogenes will grow parallel to the increasing knowledge on gene functions. In the beginning molecular markers allow a marker assisted selection by which the selection for desired traits becomes securer and faster, subsequently a pyramiding of monogenes will be possible. Using molecular tools besides the impact of the nuclear genome the importance of the genetic information

¹ Technische Universität München
Lehrstuhl für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Alte Akademie 12
85350 Weihenstephan

² Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen
Institut für Resistenzgenetik
Graf-Seinsheim-Str. 23
85461 Grünbach

localized in the organelles should not be overlooked. Monogenic informations are localized there as well, the recombination and improvement of which is possible, e.g. by cell fusion techniques.

1 Einführung

Die Entdeckung der Mendelschen Regeln und der damit verbundene Beginn der Genetik höherer Pflanzen sowie der wissenschaftlich untermauerten Pflanzenzüchtung ist durch die Auswertung von Phänotypen bestimmt, die einem monogenischen Erbgang folgen. Wegen der schönen Korrelation zwischen einem phänotypisch leicht faßbaren Merkmal und der zugehörigen Biochemie mit monogenischen Syntheseschritten weiß man hier sehr viel über die Möglichkeiten molekularer Züchtung von Zierpflanzen mit neuen Blütenfarben (z.B. HARBORNE 1994). Neben die zunächst prägenden Farbene traten bei den landwirtschaftlichen Nutzpflanzen die Ertragssicherheit und damit die Resistenzgene ins Zentrum der Anwendung. Die Resistenzzüchtung hatte schnelle Erfolge, wenn es sich um monogenisch vererbte Eigenschaften handelte, wie bei Mehltau oder Rost (Abb. 1). Sicherlich spielten auch bei der zuvor praktizierten unbewußten und bewußten, negativen oder positiven Auslesezüchtung einfache Resistenzen eine entscheidene Rolle.

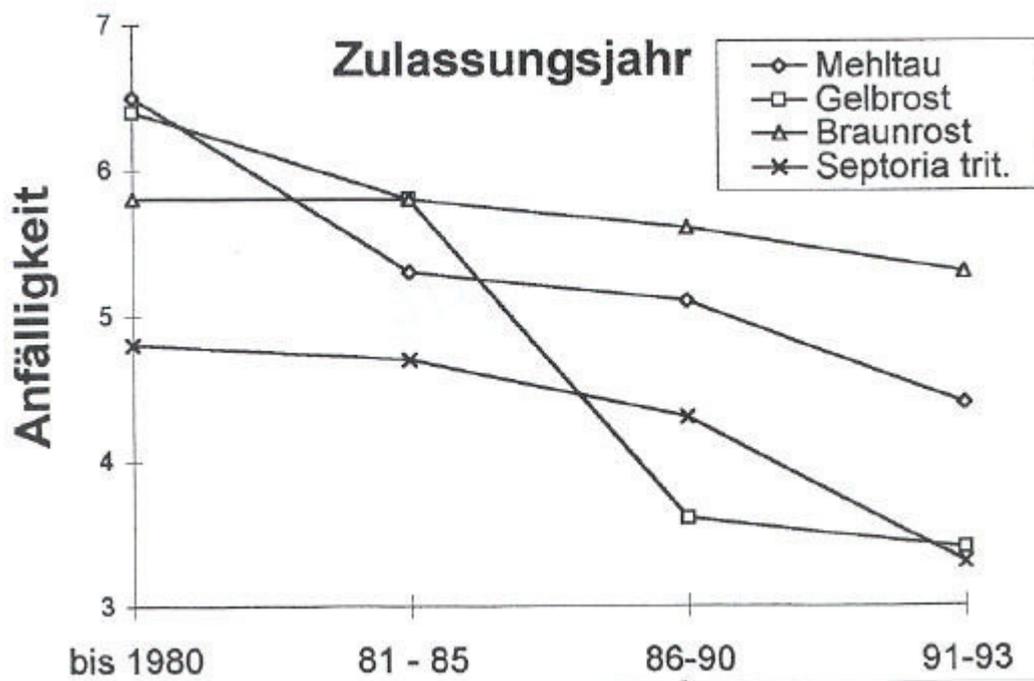


Abb.1: Rückgang der Anfälligkeit von Weizen gegenüber wichtigen pilzlichen Krankheiten (SPANAKAKIS, pers. Mittel.)

Fig. 1: Decreased susceptibility of wheat against important fungal diseases (SPANAKAKIS, unpubl.)

2 Nutzung von Resistenzgenen in der klassischen Züchtung

Mit Aufkommen der wissenschaftlich fundierten Pflanzenzüchtung setzte die gezielte Suche nach wertvollen Genen und deren Verankerung im Genom ein. Allein für den Mehltau bei Weizen sind 13 Resistenzgene, für den Gelbrost 17 Resistenzgene verfügbar (ANONYM 1997). Vergleicht man diese Daten von 1991 mit dem heutigen Stand, so zeigt sich eine Entwicklung nicht nur zu immer mehr Sorten mit entsprechenden Genen, sondern auch eine Pyramidisierung hin zu immer mehr Resistenzgenen in einer Sorte (Tab. 1).

Tab. 1: Zunahme der in Winterweizen und Wintergerste eingelagerten Mehltau-resistenzgene

Tab. 1: Increase of genes for mildew resistance in winter wheat and winter barley

Sortenzahl		Anzahl Resistenzgene									
Winterweizen		ohne		1		2		3		4	
1991	1997	1991	1997	1991	1997	1991	1997	1991	1997	1991	1997
61	71	25	17	20	21	12	24	2	5	1	2
Wintergerste		ohne		1		2		3		4	
1991	1997	1991	1997	1991	1997	1991	1997	1991	1997	1991	1997
70	64	37	26	28	31	17	7	1	0	0	0

Die starke Nutzung monogener Resistenzgene mit einem in der Regel einfachen Gen-für-Gen- Mechanismus bei gleichzeitiger pflanzenbaulicher Intensivierung rief schnell die evolutive Anpassung des Pathogens und damit den Verlust wertvoller Eigenschaften hervor.

3 Kombination mit Zellkulturverfahren

Der Einsatz der monogen verankerten meist vertikalen, qualitativen, spezifischen Resistenz bedeutete einen ständigen Wettlauf mit der Evolution des Pathogens (WENZEL ET AL. 1985). So wurden Züchtungsmethoden entwickelt, die bei Liniensorten schneller zu Homogenität führten, den Zuchtgang verkürzten und die Nutzungszeit des Monogens verlängerten. Vor allem bei Raps, Kartoffel und Gerste, wo die Haploidmethode weit entwickelt ist, gelang es, monogenische Eigenschaften schnell einzubringen. Tab. 2 zeigt z.B. den Zuchtgang für das Einbringen des neuen Resistenzgens *ym1* gegen das Gelbmosaikvirus in Wintergerste aus japanischer Sommergerste (DIETZMANN UND FOROUGH-WEHR 1996). Da die Evolution der Pathogene nicht bei allen Schaderregergruppen gleich schnell verläuft, vor allem monogene Virusresistenzen werden nur außerordentlich selten durchbrochen, zahlt sich die Züchtung mit Monogenen auch weiterhin aus.

Tab. 2: Züchtungsgang für die Einlagerung der Gelbmosaikvirusresistenz in Wintergerste unter Einsatz von Doppelhaploiden

Tab. 2: Breeding strategy for the incorporation of resistance against yellow mosaic virus into winter barley using doubled haploids

Jahr	Züchtungsschritt	weitere Erläuterungen	Generation
1982	Kreuzung	ym1 x Igri	F ₁
1984	1. Haploidschritt	56 DH Linien	A ₁₁
1985	Selbstung	res. Linie W 122	A ₁₂
1986	1. Rückkreuzungen	W 122 x Marinka; W 122 x Cosima	A ₁₂ F ₁
1987	2. Haploidschritt	27 bzw. 83 DH Linien	A ₂₂
1988	Selbstungen	res. Linie 547 bzw. 549	A ₂₂
1988	2. Rückkreuzung	W 547 x Trixi; W 549 x Trixi	A ₂₂ F ₁
1989	3. Haploidschritt	306 bzw. 135 DH Linien	A ₃₁
1991-1994	Selbstungen	Leistungsprüfungen	A ₃₂ , A ₃₃ , A ₃₄

4 Markergestützte Selektion

Neben Zellkulturmethoden unterstützen heute Markertechniken die Sicherheit und Schnelligkeit der Selektion besonders gut in Verbindung mit Haploidie. Die große Zahl verfügbarer DNA-Marker (Tab. 3) erlaubt heute eine sehr genaue Erfassung vorhandener Resistenzgene und ermöglicht - sofern es sich nicht um allele Eigenschaften handelt - deren gezielte Kombination. Einfache Gensonden können ebenfalls benutzt werden, um schnell eine erste Auskunft über den Verwandtschaftsgrad unterschiedlichster Herkünfte zu erhalten. In einem laufenden Projekt zur Sojabohne konnte die geographische Herkunft und deren genetische Unabhängigkeit durch Ermittlung der genetischen Distanz bestätigt werden (SCHENKEL ET AL. 1997). Entsprechende Aussagen sind eine deutliche Hilfe bei der Suche nach neuen Eigenschaften, da eine sinnvolle Vorauswahl getroffen werden kann.

In der Züchtung ist jetzt mit Gensonden die Pyramidisierung monogener Eigenschaften möglich, was neben dem Einsatz der in jeder Hinsicht schwer zu bearbeitenden polygenen, quantitativ vererbten unspezifischen Genkomplexe ebenfalls zu wesentlich dauerhafteren Resistenzen führen sollte. So sind z.B. für unterschiedliche Mehлтаugene der Gerste spezifische Marker verfügbar (JAHOR ET AL. 1993; SCHÖNFELD ET AL. 1996; Tab. 4). Dies eröffnet für Liniensorten im Resistenzbereich eine neue Renaissance monogener Eigenschaften.

Tab. 3: Zusammenstellung einiger landwirtschaftlicher Nutzpflanzen und deren Krankheiten, für die molekulare Sonden verfügbar sind (Literatur s. bei WENZEL 1997)

Tab. 3: Some important crop plants and their respective diseases for which molecular probes are published (for literature see WENZEL 1997)

Nutzpflanze	Krankheit	Zahl identifizierter Allele	Techniken
Bohne	<i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	1	RFLP, SCAR
	Common bean mosaic virus	1	NIL, RAPD
	<i>Uromyces appendiculatus</i>	3	NIL, RAPD
Erbse	<i>Erysiphe pisi</i>	2	SAT, RFLP
	<i>Fusarium oxysporum</i>	1	RFLP, Mikrosat
	Pea mosaic virus	1	RFLP, Mikrosat
	Seed borne mosaic virus	1	RFLP, RAPD
Gerste	<i>Erysiphe graminis</i>	3	NIL, RFLP
	<i>Puccinia graminis</i>	2	DH, BSA, RFLP
	<i>Puccinia hordei</i>	1	BSA, RAPD
	<i>Rhynchosporium secalis</i>	3	DH, NIL, RFLP
	Barley stripe mosaic virus	1	DH, RFLP
	Barley yellow mosaic virus	1	DH, RFLP, RAPD
Hafer	<i>Puccinia coronata</i>	1	BSA, RAPD
	<i>Puccinia graminis</i>	1	NIL, RAPD
Kartoffel	<i>Globodera rostochiensis</i>	3	NIL, AFLP
	<i>Phytophthora infestans</i>	2	BSA, AFLP
	Potato virus X	2	RFLP
Mais	Maize dwarf mosaic virus	1	RFLP
	<i>Bipolaris maydis</i>	1	RFLP
	<i>Puccinia sorghi</i>	1	NIL, RFLP
	<i>Helminthosporium turcicum</i>	1	NIL, RFLP
Reis	<i>Orseolia oryzae</i>	1	BSA, RFLP
	<i>Prycolaria oryzae</i>	3	NIL, RFLP
	Rice tungro virus	1	RFLP, RAPD
	<i>Xanthomonas</i>	1	NIL
Weizen	<i>Heterodera avenae</i>	2	BSA, RFLP, RAPD
	<i>Mayetiola destructor</i>	3	RFLP
	<i>Puccinia recondita</i>	3	RFLP, RAPD, STS
	<i>Erysiphe graminis</i>	8	NIL, RFLP
	<i>Puccinia graminis</i>	1	RFLP
Zuckerrübe	Rizomania	1	RFLP
	<i>Heterodera schachtii</i>	3	RFLP, RAPD

Tab. 4: Mehlttauresistenzgene der Gerste, für die molekulare Marker verfügbar sind.

Tab. 4: Genes for powdery mildew resistance of barley for which markers are available.

Locus	Allel	Chromosom	Locus	Allel	Chromosom
Mla	24	5 (1H)	Mlat	1	5 (1H)
Mlcp	1	4 (4H)	Mld	1	5 (1H)
Mlf	4	1 (7H)	Mlg	1	4 (4H)
Mlh	1	6 (6H)	Mli	1	5 (1H)
Mlj	1	7 (5H)	Mlk	1	5 (1H)
MlLa	1	2 (2H)	Mlmm	1	5 (1H)
mlo	11	4 (4H)	Mlp	3	2 (2H)
Mlra	1	5 (1H)	Mls	1	5 (1H)
mlt	1	1 (7H)			

Tab. 5: Die Reaktion von Weizensorten mit Mehlttauresistenzgen-Kombinationen mit einer auf Pm2 spezifischen PCR Sonde (12 Sorten mit unterschiedlichen Pm Genen, aber ohne Pm2 reagierten nicht)

Tab. 5: Reaction of wheat lines with combinations of genes for mildew resistance against a Pm2 specific PCR probe (12 varieties with Pm genes but without Pm2 did not react)

Sorte	Mehlttau-Resistenzgene	Reaktion mit Pm2-Sonde
Ulka/8*Cc	<i>Pm2</i>	+
Attis	<i>Pm1, Pm2, Pm4b, Pm9</i>	+
Nandu	<i>Pm2</i>	+
Troll	<i>Pm1, Pm2, Pm4b</i>	+
Mephisto	<i>Pm1, Pm2, Pm9</i>	+
Maris Huntsman	<i>Pm2, Pm6</i>	+
Maris Dove	<i>Pm2, mld</i>	+
Planet	<i>Pm1, Pm2, Pm4b, Pm9</i>	+
Knirps	<i>Pm2, Pm4b, Pm6, Pm8</i>	+
Sappo	<i>Pm1, Pm2, Pm4b, Pm9</i>	-
Normandie	<i>Pm1, Pm2, Pm9</i>	-
Halle 8810-47/7*Prins	<i>Pm2</i>	-
Axona	<i>Pm2, Pm3d</i>	-

Tabelle 5 zeigt die Situation für Weizen, wo eine Pm2-spezifische Sonde sehr sicher das Vorhandensein des Pm2 Gens anzeigt (HARTL ET AL. 1995); die letzten vier Sorten mit anderer Antwort sind sicherlich eher auf Fehler in der Sortenbeschreibung, denn auf falsch funktionierende Sonden zurückzuführen.

Heute schreitet die Entwicklung fort und es gelingt nicht nur, Gene zu lokalisieren und zu isolieren, sondern zunehmend auch deren physiologische Funktion zu erfassen (Tab.6).

Tab. 6: Gemeinsame Proteineigenschaften von klonierten Resistenzgenen (Literatur vgl. WENZEL 1997)

Tab. 6: Common structural characteristics of proteins of cloned genes for resistance (for literature see WENZEL 1997)

Gruppe	Protein	Wirt/ Pathogen	Struktur	Jahr
I	PTO	Tomate/ <i>Pseudomonas</i>	intrazelluläre Serin/Threonin Kinase membran- gebunden	1993
	PTI1		Serin/Threonin Kinase phosphoryliert durch PTO, reagierend mit PTO	1995
IIa	RPS2	<i>Arabidopsis</i> / <i>Pseudomonas</i>	intrazelluläres Protein mit Leucine Zipper, Nu- cleotid Bindungsstelle, leucinreiche Wiederho- lungen	1994
	RPM1 PRF N	Tabak/ TMV	Intrazelluläres Protein	1995 1996 1994
IIb	L2, 6, 10	Lein/ <i>Cochliobolus</i>	1L-1R Homologie, Nucleotid Bindungsstelle leucinreiche Wiederholungen	1995
	RPP5	<i>Arabidopsis</i> / <i>Peronospora</i>		1997
	RPP14			1996
III	Cf-2	Tomate/ <i>Cladosporium</i>	Transmembranproteine mit extrazellulären leucin- reiche Wiederholungen	1996
	Cf-4 Cf-5 Cf-9	<i>Fusarium</i>		1996
	I2			
	Hs 1	Zuckerrübe/ <i>Heterodera</i>		1997
IV	Xa21	Reis/ <i>Xantho- monas</i>	Transmembranprotein mit intrazellulärer Kinase und extrazellulären leucinreiche Wiederholungen	1995
V	Mlo	Gerste/ <i>Erysiphe</i>	Im Kern lokalisiertes Transmembranprotein	1997

5 Ausblick

Für die Resistenzgene selbst wird unser Wissen ständig größer, wie dies Tabelle 6 zeigt, wo die Resistenzgene in Gruppen nach ihrer Funktion zusammengestellt sind. Man darf heute davon ausgehen, daß den regulatorischen Genen in Zusammenhang mit Genen für die Signaltransduktion die Schlüsselrolle zukommt. Dies bedeutet gleichzeitig, daß monogenische Effekte in der molekular begleiteten Züchtung deutlich an Bedeutung zunehmen werden. Noch ein Hinweis auf eine andere züchterische Nutzungsmöglichkeit monogenischer Eigenschaften: Dominante monogen vererbte phänotypisch sichtbare Eigenschaften sind ideale Marker, z.B. bei der Selektion von Haploiden in der Rüben- oder Kartoffelzüchtung. Bisher haben solche einfachen Systeme der Züchtung mehr geholfen als die kühnsten Überlegungen mit molekularen Markern. Zuletzt noch eine Erinnerung: Nicht die ganze genetische Information ist im Kerngenom festgelegt. Auch die DNA in den Mitochondrien und Plastiden ist wichtig! Vor allem in somatischen Hybriden kann bei identischem Kerngenom der Einfluß genetisch unterschiedlicher Cytoplasmen erkannt werden. Bei somatischen Hybriden der Kartoffel können gleiche Kerngenome mit α -, β - oder γ -Typ-Mitochondrien zu unterschiedlichen Stärkegehalten führen (Abb. 2).

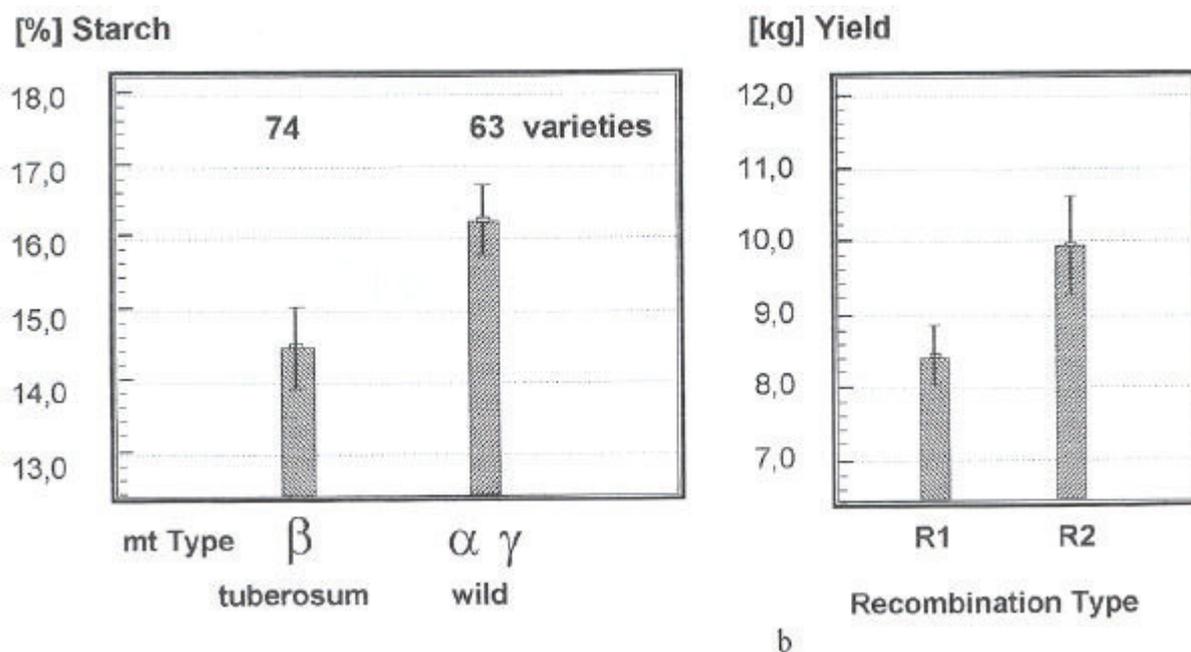


Abb. 2: Einfluß der im Cytoplasma lokalisierten Gene auf Stärkegehalt und Ertrag

Fig. 2: Influence of genes localized in the cytoplasm on starch content and yield

Ferner wird der Ertrag durch die Kombination von Plastiden und Mitochondriengenomen beeinflusst (LÖSSL ET AL. 1994), und schließlich kann es beim Zusammentreffen unterschiedlicher Mitochondrien (mt) zur Rekombination im mt-Genom kommen. Einzelne Neukombinationen sind dabei bezüglich der Ertragsbildung besser als andere (Abb. 2). Eine solche Pyramidisierung sollte sich bei Resistenzgenen in einer dauerhafteren Resistenz auswirken, ähnlich wie dies bei polygenischer Vererbung der Fall ist.

Genbanken werden damit in Zukunft sicherlich wieder zunehmend nach ganz spezifischen Gendonoren gefragt. Es wäre gut, wenn sie gleichzeitig das molekulare Selektionswerkzeug bereit hielten, so daß der Züchter Gen und Sonde aus einer sicheren Quelle beziehen kann.

6 Literatur

- ANONYM (1997): Beschreibende Sortenliste Getreide, Mais, Ölfrüchte Leguminosen, Hackfrüchte 1997. Landbuch Verlag, Hannover.
- DIETZMANN, E. UND B. FOROUGH-WEHR (1996): Combination of disease resistance to barley yellow mosaic virus and *Rhynchosporium secalis* by recurrent selection with repeated haploid steps. *Plant Breeding* **115**, 179 ff.
- HARBORNE, J.B. (1994): *The Flavonoids*. Chapman & Hall, London.
- HARTL, L., H. WEISS, U. STEPHAN, F.J. ZELLER UND A. JAHOR (1995): Molecular identification of powdery mildew resistance genes in common wheat (*Triticum aestivum*). *Theor.Appl.Genet.* **90**, 601 ff.
- JAHOR, A., A. JACOBI, M.E. SCHÜLLER UND G. FISCHBECK (1993): Genetical and RFLP studies in the *Mla* locus conferring mildew resistance in barley. *Theor.Appl.Genet.* **84**, 713 ff..
- LÖSSL A, U. FREI UND G. WENZEL (1994): Interaction between cytoplasmic composition and yield parameters in somatic hybrids of *S. tuberosum L.* *Theor.Appl.Genet.* **89**, 873 ff..
- SCHENKEL, W., F.X. MAIDL UND G. WENZEL (1997): Wurzelausscheidungen der Sojabohne als Reaktion of Aluminium-Stress. *Mitt. Ges. Pflanzenbauwiss.* **10**, 145 ff.
- SCHÖNFELD, M., A. RAGNI, G. FISCHBECK UND A. JAHOR (1996): RFLP-mapping of three new loci for resistance to powdery mildew (*Erysiphe graminis f. sp. hordei*) in barley. *Theor.Appl.Genet.* **93**, 48 ff..
- WENZEL, G. , V. LIND UND H. WALTHER (1985): Resistenzzüchtung - der genetische Beitrag zum Pflanzenschutz. *Naturwissenschaften* **72**, 25ff.
- WENZEL, G. (1997): Function of genetic material responsible for disease resistance in plants. *Progress in Botany* **59** (in press).

Züchterische Integration quantitativ bestimmter Eigenschaften - Quantitativ-genetischer Ansatz

Integration of quantitative traits in breeding - quantitative-genetic approach

T. PRESTERL¹, D. ŠIML¹, G. SEITZ¹ UND H. H. GEIGER¹

Zusammenfassung

In dem vorliegenden Beitrag werden der aktuelle Stand der Forschung und eigene experimentelle Ergebnisse zur methodischen Vorgehensweise bei der Einlagerung quantitativ vererbter Eigenschaften aus nichtadaptierten genetischen Ressourcen diskutiert. In Feldversuchen wurde am Beispiel von Mais untersucht, welcher Kreuzungsaufbau und Rekombinationsgrad der Ausgangspopulation bei der nachfolgenden Selektion die größten Zuchtfortschritte erwarten läßt. Dazu wurden verschiedene Generationen (F1, Rückkreuzung zum adaptierten Elter - BC1, F2-Generation und die zweifach rekombinierte F2-Generation - F2R2) von insgesamt 18 Kreuzungen zwischen adaptierten europäischen und nichtadaptierten nordamerikanischen Maisinzuchtlinien auf ihre Silo- und Körnermaisleistung geprüft.

Zusätzlich zu den Generationsmittelwerten wurden anhand von drei ausgesuchten Kreuzungen die genetischen Varianzen der jeweiligen Generationen ermittelt. Die BC1-Generation wies für den Trockensubstanzgehalt von Gesamtpflanze und Korn signifikant höhere Mittelwerte als die F2-Generation auf, wodurch sich eine größere züchterische Brauchbarkeit der Rückkreuzungsgeneration ergab, obwohl die genetischen Varianzen in der F2-Generation deutlich größer waren. Für die Merkmale Gesamttrockenmasse und Kornertrag hing die Brauchbarkeit der BC1-Generation vor allem davon ab, welche adaptierte Linie in der Ausgangskreuzung verwendet worden war und welche Leistungsdifferenz zwischen dem adaptierten und dem nichtadaptierten Kreuzungspartner bestand. Bei geringer Unterlegenheit des adaptierten Elters oder gleichem Leistungsniveau erwiesen sich auch die Ertragsunterschiede zwischen BC1- und F2-Generation als gering, so daß die F2 direkt zur Selektion verwendet werden kann. Besitzt der exotische Elter jedoch ein niedrigeres Ertrags-potential als der adaptierte Elter, so empfiehlt sich mindestens eine Rückkreuzung zum adaptierten Elter, bevor mit der Selektion begonnen wird. Die zweifache Rekombination der F2-Generation führte für das Merkmal „Gesamttrockenmasse“ zu keinen signifikanten Leistungsveränderungen. Für den Trockensubstanzgehalt der Gesamtpflanze traten positive Rekombinationseffekte nur bei drei von 18 Ausgangskreuzungen auf.

¹ Universität Hohenheim
Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung
und Populationsgenetik
70593 Stuttgart

Summary

Methods for integrating favourable alleles for quantitative traits from exotic maize germplasm into European breeding materials are discussed. Our objective was to determine whether the F₂ generation derived from an adapted by exotic cross or the first backcross to the adapted population (BC₁) was the better foundation population for initial selection. Studying the effects of two generations of random intermating in the F₂ (F₂R₂) was of additional interest. Eighteen exotic by adapted crosses were evaluated in the four generations, F₁, F₂, F₂R₂ and BC₁, respectively. Generation means for all 18 crosses for forage-maize traits were assessed in a first field experiment. Genetic variation within generations for grain yield and grain dry matter content was evaluated in a second experiment for three out of these 18 crosses. The BC₁ generation showed higher dry matter contents than the F₂ for both grain and forage maize. Yield differences between F₂ and BC₁ were depending on the specific adapted by exotic combination. The highest estimates of genetic variance for grain dry matter and for grain yield were obtained in the F₂ generation, except for one cross where genetic variance for grain yield in F₂ was not significant. These results indicate that prior to selection for earliness (dry matter content), backcrossing to the adapted parent seems to be advantageous. For both grain and forage yield, the performance differences between the adapted and the exotic parent have a crucial influence on the choice of the most suitable foundation population. The BC₁ is better when the adapted parent is superior over the exotic parent, and the F₂ is more suitable when the relation is inverse. In experiment 1 positive effects of random intermating within F₂ populations were only significant in three out of 18 crosses for forage dry matter content and nonsignificant for yield. These results do not support the use of random intermating as a primary breeding procedure prior to selection.

1 Einleitung

Die meisten agronomisch bedeutenden Eigenschaften von Nutzpflanzen wie Ertrag, die Ertragskomponenten, Qualitätseigenschaften und viele Resistenzen werden polygenisch vererbt und zeigen deshalb eine quantitative Merkmalsvariation. Ein Zuchtfortschritt kann nur auf der Basis ausreichender genetischer Variabilität erfolgen. Da die züchterische Verbesserung einer Kulturart gewöhnlich mit einer Einengung der genetischen Diversität verbunden ist, stellt die Erschließung neuer Genressourcen eine wichtige Aufgabe für die Pflanzenzüchtung und die Züchtungsforschung dar. Eine besondere Bedeutung kommt der Erweiterung der genetischen Variabilität dann zu, wenn neue Zuchtziele in den Vordergrund treten. Beispiele hierfür sind die zunehmende Bedeutung von Produktionsalternativen, wie etwa die Stärke- oder Energiepflanzenproduktion, sowie veränderte Anbaubedingungen durch Restriktionen in der Düngung in Wasserschutzgebieten oder im ökologischen Landbau (Low-Input-Sorten).

Der Pflanzenzüchtung stehen für viele Kulturarten zahlreiche genetische Ressourcen, von Wild- und Primitivformen bis hin zu exotischen Hohertragssorten, zur Verfügung. Wesentliche Kriterien für eine mögliche Einteilung dieses genetischen Materials sind, neben der geographischen Herkunft und einer möglichen Genpoolzuordnung, Eigenschaften wie Leistungsfähigkeit und die Adaptation an einen

bestimmten Klimaraum. Bei der Evaluierung und Integration quantitativer Eigenschaften dieser Ressourcen können je nach Art und Herkunft sowie je nach betrachtetem Merkmal unterschiedliche Probleme auftreten. Material aus den Tropen und Subtropen ist oft spätreif, nicht adaptiert an die Tageslänge und wenig tolerant gegenüber den kühlen Frühjahrstemperaturen in Mitteleuropa. Bei Landsorten ist die Entwicklung von Inzuchtlinien mit ausreichender Eigenleistung durch die geringe Inzuchtverträglichkeit der Populationen nur eingeschränkt möglich. Zudem verfügen Landsorten meist nur über unzureichende agronomische Werteigenschaften (Krankheitsresistenzen, Standfestigkeit, Verträglichkeit hoher Bestandsdichten). Diese Eigenschaften der einzelnen Ressourcen führen zu unterschiedlichen Strategien für die Evaluierung und Integration. Die optimale methodische Vorgehensweise zur Einlagerung quantitativ vererbter Eigenschaften aus nichtadaptiertem Genmaterial in aktuelle Züchtungspopulationen ist noch weitgehend unklar und soll im folgenden am Beispiel der Maiszüchtung diskutiert werden.

1.1 Evaluierung potentieller genetischer Ressourcen

GOODMAN (1985) kommt in einer Zusammenfassung mehrerer nordamerikanischer Studien zu dem Schluß, daß der nur geringe Anteil von Programmen (ca. 3%) mit gezielter Nutzung von exotischem Genmaterial in der praktischen Maiszüchtung vor allem darauf zurückzuführen ist, daß in der Vergangenheit häufig ungeeignete Populationen verwendet wurden und daher nur selten ein Erfolg bei der Entwicklung von neuem leistungsfähigen Genmaterial erreicht werden konnte. Vor dem Start von aufwendigen Einlagerungsprogrammen sollten daher umfangreiche Experimente zur Identifizierung und Evaluierung aussichtsreicher Genressourcen durchgeführt werden. Wichtige methodische Fragen bei der Evaluierung sind: Können die Exoten per se evaluiert werden, oder sind Kreuzungen mit adaptierten Formen erforderlich? In der Hybridzüchtung stellt sich zudem die Frage, in welche heterotische Gruppe die Ressource einzuordnen ist und was der geeignete Tester ist. Ferner kann die Wahl der richtigen Prüfumwelt entscheidend für eine erfolgreiche Evaluierung sein.

1.2 Integration genetischer Ressourcen

Neben der fehlenden Adaptation stellt das häufig zu niedrige Leistungspotential exotischer Maispopulationen eines der größten Probleme dar, zu dessen Lösung es generell zwei Ansätze gibt. Der erste beinhaltet die Verbesserung der exotischen Population per se durch gleichzeitige rekurrente Selektion auf Klimaadaptation und Leistung. Beim zweiten Ansatz wird versucht, diese Eigenschaften durch Kreuzung mit einem adaptierten Elter und anschließende Selektion in der Kreuzungspopulation zu verbessern. Wie experimentelle Befunde von HALLAUER UND SEARS (1972) zeigen, kommt man den angestrebten Zuchtzielen mit letzterem Ansatz wesentlich rascher näher, wenngleich sich auch durch rekurrente Selektion innerhalb der exotischen Population beträchtliche Zuchtfortschritte erzielen lassen.

Kreuzungsnachkommen zwischen Exoten und adaptierten Formen können direkt in der F₂ Generation

als Ausgangspopulation für die anschließende züchterische Selektion genutzt werden. Bei einem niedrigen Leistungspotential bzw. deutlich unzureichender Adaptation des exotischen Elters liegt es jedoch nahe, den Mittelwert der Kreuzungspopulation durch eine oder zwei Rückkreuzungen zum adaptierten Elter zu erhöhen. Mit dieser Frage der optimalen Genomanteile von Exoten in den Ausgangspopulationen befassen sich Arbeiten von GOUESNARD ET AL. (1996), ALBRECHT UND DUDLEY (1987) und CROSSAU UND GARDNER (1987). Theoretisch wurde diese Frage von DUDLEY (1982), HO UND COMSTOCK (1980) und BRIDGES UND GARDNER (1987) untersucht.

Ein weiteres Problem in der Nutzung von Kreuzungs- bzw. Rückkreuzungspopulationen zwischen adaptiertem und nichtadaptiertem Genmaterial ergibt sich daraus, daß in frühen Kreuzungsgenerationen günstige und ungünstige Gene auf den elterlichen Chromosomen gekoppelt vorliegen können. Diese Kopplungen können zu züchterisch unerwünschten Merkmalskorrelationen führen. Eine Kombination der günstigen Gene beider Eltern in einem Genotyp setzt Rekombination innerhalb der Kopplungsgruppen voraus. Eine zu früh einsetzende Selektion nützt aber nur die Segregation ganzer Chromosomen oder großer Chromosomensegmente und beinhaltet somit die Gefahr des Verlusts günstiger Gene. Andererseits bedeutet eine mehrfache Rekombination der Kreuzungspopulation ohne Selektion einen erheblichen Zeit- und Arbeitsaufwand für den Züchter. Experimentelle Untersuchungen zur Frage, inwieweit sich die Brauchbarkeit einer Rückkreuzungspopulation erhöht, wenn vor der Selektion mehrfache Rekombination stattfindet, wurden von HOFFBECK ET AL. (1995) durchgeführt.

Im folgenden werden Ergebnisse aus zwei Maisexperimenten vorgestellt, in denen die Frage nach der optimalen Ausgangspopulation für die Integration genetischer Ressourcen untersucht wurde. Dabei sollten an verschiedenen Generationen (F1, F2, F2R2, BC1) von Kreuzungen zwischen adaptierten und nichtadaptierten Maisinzuchtlinien folgende Fragen geklärt werden:

1. Welchen Einfluß hat der Genomanteil des adaptierten Elters in der Ausgangspopulation (50% bei F2 vs. 75% bei BC1) auf deren züchterische Brauchbarkeit?
2. Erhöht sich die Brauchbarkeit, wenn das aus der Kreuzung zwischen adaptierten und nichtadaptierten Formen hervorgegangene Ausgangsmaterial vor der Selektion auf Adaptation mehrfach rekombiniert wird?

2 Material und Methoden

Als Ausgangsmaterial zur Erstellung der Kreuzungspopulationen wurden neun nichtadaptierte Dentlinien nordamerikanischer Herkunft (N) und vier adaptierte europäische Dentlinien (A) verwendet. Aus diesen Linien wurden zwei Sätze von zusammen 18 Kreuzungen des Typs A x N hergestellt (Tab. 1). Durch Selbstung der F1-Generation und durch Rückkreuzung der F1 zum adaptierten Elter wurde von jeder Kreuzung die F2- bzw. die erste Rückkreuzungsgeneration (BC1) erstellt. Die F2 wurde anschließend zweimal rekombiniert zur Erzeugung der Generation F2R2. Von den Generationen F2, F2R2 und BC1

jeder Kreuzung wurden 1150 Pflanzen angebaut und die jeweils 50 Pflanzen mit dem frühesten Blühtermin geselbstet.

Zur Erzeugung des Testkreuzungssaatgutes wurden von jeder der 18 Ausgangskreuzungen die vier adaptierten Ausgangslinien, die F1- Generation und die auf frühes Blühen selektierten 50 S¹-Linien der Generationen F2, F2R2 und BC1 mit einer Testerlinie aus dem Flint-Genpool gekreuzt. Für das Experiment 1 wurden von jeder S¹-Pflanze gleich viele Körner entnommen und populationsweise gemischt. Daraus ergaben sich 72 Prüfglieder (18 Kreuzungen x 4 Generationen), die 1994 und 1995 als Silomais an drei Standorten geprüft wurden. Als Merkmale wurden die Trockenmasse der Gesamtpflanze (GTM) und der Trockensubstanzgehalt der Gesamtpflanze (GTS) erfaßt.

Zur Abschätzung der genotypischen Variation innerhalb der Populationen (Experiment 2) wurden folgende drei repräsentative Ausgangskreuzungen mit den Generationen F2R2, F2 und BC1 gewählt: B73xD06, Mo17xD408 und NC258xD08. Die 50 frühesten S1-Pflanzen jeder Population aus dem Hauptversuch wurden mit einem Flint-Tester gekreuzt. Der Anbau der daraus resultierenden 450 (3 Ausgangskreuzungen x 3 Generationen x 50 S1-Linien) Testkreuzungsnachkommen erfolgte 1996 an zwei Standorten. Die Experimente wurden als Körnermaisprüfungen angelegt und die Merkmale Korntrockenmasse (Kornertrag) und Korntrockensubstanzgehalt (Korn-TS-Gehalt) erfaßt.

Anhand der in diesem Experiment geschätzten Mittelwerte und der genetischen Varianzen innerhalb der einzelnen Generationen konnte die züchterische Brauchbarkeit (U) der verschiedenen Ausgangspopulationen nach SCHNELL (1983) wie folgt ermittelt werden:

$$[U = \bar{y} + i_a h s_g]$$

Darin bezeichnen \bar{y} den Mittelwert der Population, i_a die Selektionsintensität einer selektierten Fraktion a, h die Wurzel des Heritabilitätskoeffizienten und s_g die genetische Standardabweichung. Für die hier vorgestellten Ergebnisse wurde eine selektierte Fraktion von a=5% angenommen.

Tab. 1: Abstammung der 18 Ausgangskreuzungen

Tab. 1: Pedigree information about the 18 adapted by exotic crosses (*=crosses used in experiment 2)

Satz 1			Satz 2		
Nichtadaptierter Elter	Adaptierter Elter		Nichtadaptierter Elter	Adaptierter Elter	
	D06	D408		D08	F272
A619	X	X	B79	X	X
B73	X*	X	H108	X	X
H107	X	X	N192	X	X
Mo17	X	X*	NC258	X*	X

Va26	X	X
------	---	---

(X= erstellte Ausgangskreuzung, *= für Experiment 2 ausgewählte Ausgangskreuzung)

3 Ergebnisse

3.1 Experiment 1 - Generationsmittelwerte

Im folgenden werden die Mittelwerte der Generationen getrennt nach den vier adaptierten Linien (D06, D408, D08, F272) dargestellt (Tab. 2). Die höchsten Gesamtpfl.-TS-Gehalte und die niedrigsten Erträge konnten bei den Testkreuzungen der adaptierten Linien beobachtet werden. Der Vergleich der Testkreuzungsleistung zwischen den auf frühes Blühen selektierten Prüfgenerationen F2(sel), bzw. F2R2(sel) und der F1-Generation für das Merkmal GTS-Gehalt zeigte, daß die Selektion auf Frühreife tendenziell erfolgreich war. Allerdings waren die Unterschiede zwischen der F1- und der F2(sel)-Generation nur bei den Kreuzungen der Elternlinien D06 und D408 signifikant. Die Erhöhung der GTS war dabei mit einem Ertragsabfall verbunden, der jedoch nur bei den Kreuzungen mit den Linien D08 und F272 signifikant war.

Die Testkreuzungsleistung für GTM war in der F2R2 (sel)-Generation höher als in der F2 (sel)-Generation. Die Unterschiede waren allerdings meist nur gering und niemals signifikant. Ein signifikanter, positiver Effekt der Rekombination war für das Merkmal GTS-Gehalt nur in den Kreuzungen mit der Linie F272 zu beobachten. Eine genauere Analyse der 18 Kreuzungen zeigte, daß nur in drei Fällen signifikante, positive Effekte der Rekombination auftraten. Die Testkreuzungen der adaptierten Linien D08 und D06 waren beide als frühreifend einzustufen, unterschieden sich aber deutlich im Ertrag. Die geringere Kombinationsfähigkeit der Linie D08 führte zu einer im Vergleich zu den beiden F2-Mittelwerten signifikant geringeren Ertragsleistung in der Rückkreuzungsgeneration. Bei der Linie D06 hingegen wiesen die Generationen F1, F2 (sel), F2R2 (sel) und BC1(sel) annähernd gleiche Gesamttrockenmassen auf.

3.2 Experiment 2 - Variationsstudie

Das Experiment 2 wurde als Körnermaisversuch durchgeführt, deshalb sind die Ergebnisse nicht direkt mit den Silomaisdaten aus dem Experiment 1 vergleichbar. Die Testkreuzungsleistung der jeweils 50 S1-Linien zeigte in allen drei untersuchten Kreuzungen (D06xB73, D408xMo17, D08xNC258) in der BC1(sel)-Prüfgeneration höhere Korntrockensubstanzgehalte als in der F2(sel)-Generation (Tab. 3). Die genetischen Varianzen waren für dieses Merkmal jedoch in der F2(sel)-Generation deutlich größer. Bedingt durch den höheren Mittelwert ergaben sich aber dennoch für die erste Rückkreuzungsgeneration jeweils größere Werte für die züchterische Brauchbarkeit.

Für die Testkreuzungsleistung im Merkmal Kornertrag waren die Ergebnisse weniger einheitlich und abhängig von der Ausgangskreuzung (Tab. 3). Bei den Nachkommen aus den Kreuzungen D06xB73

und D08xNC258 waren die Mittelwerte in der F2(sel)-Generation höher, während bei der Kreuzung D408xMo17 die Rückkreuzungsgeneration ertragreicher war. In diesem Fall ist allerdings anzumerken, daß nur 10 % der Kandidaten diese deutliche Ertragsüberlegenheit der BC1(sel) bestimmt haben. Die genetische Varianzkomponente war in der F2(sel)-Generation der

Tab. 2: Testkreuzungsleistungen (-T) der einzelnen Generationen (F1, F2(sel), F2R2(sel), BC1(sel)) getrennt nach den vier adaptierten Linien (D06, D408, D08, F272) für die Merkmale Gesamtpflanzen-TS-Gehalt (GTS) und Gesamttrockenmasse (GTM), jeweils gemittelt über die fünf bzw. vier nichtadaptierten Linien und über sechs Umwelten. Zusätzlich ist die Testkreuzungsleistung der jeweiligen adaptierten Linie (A-Linie-T) dargestellt

Tab. 2: Testcross performance (-T) of crosses with the four adapted lines D06, D408, D08, and F272 in four generations (F1, F2(sel), F2R(sel), BC1(sel)) for two forage traits (dry matter content - GTS, dry matter yield - GTM), averaged over six environments, and five nonadapted lines in set 1 (D06 and D408), and four nonadapted lines in set 2 (D08 and F272), respectively. In addition, the testcross performances of the four adapted lines per se are shown (A-Linie-T)

Generation	D06		D408	
	GTS (%)	GTM (dt/ha)	GTS (%)	GTM (dt/ha)
A-Linie-T	33,8	143	31,0	139
F1-T	30,1	144	28,7	144
F2(sel)-T	31,1	143	29,3	142
F2R2(sel),-T	31,0	144	29,5	143
BC1(sel)-T	32,4	142	30,1	142
<i>GD 5%</i>	<i>0,45</i>	<i>3,74</i>	<i>0,38</i>	<i>3,47</i>

Generation	D08		F272	
	GTS (%)	GTM (dt/ha)	GTS (%)	GTM (dt/ha)
A-Linie-T	34,8	130	-	-
F1-T	30,4	146	29,6	144
F2(sel)-T	30,9	141	29,7	139
F2R2(sel)-T	31,3	142	31,1	141
BC1(sel)-T	32,6	136	31,6	140
<i>GD 5%</i>	<i>0,73</i>	<i>4,26</i>	<i>0,60</i>	<i>3,39</i>

GD 5% = Grenzdifferenz nach t-Test bei P=0,05 für den Unterschied zwischen den Generationen F1F2(sel)), F2R2(sel) und BC1(sel).

- Testkreuzungsleistung von Linie F272 fehlt wegen Saatgutmangel

Tab. 3: Mittelwerte, genotypische Varianzkomponenten und zugehörige Standardfehler sowie Schätzwerte der züchterischen Brauchbarkeit nach SCHNELL (1983) der Testkreuzungen (-T) von je 50 S1-Linien in beiden Prüfgenerationen F2(sel) und BC1(sel) für die Merkmale Korn-TS-Gehalt und Kornertrag, getrennt für die drei Ausgangskreuzungen im Mittel über zwei Umwelten

Tab. 3: Means, components of genetic variance and their standard errors, and usefulness (SCHNELL 1983) of testcross (-T) progenies derived from three adapted x exotic populations in two generations (F2 (sel) und BC1(sel) for grain dry matter content and grain yield, averaged over two environments

Generation	Mittel	Varianz	Standardabw.	Brauchbarkeit
Korn-TS-Gehalt				
D06xB73				
F2 (sel)-T	59,5	2,4**	± 0,6	62,4
BC1(sel)-T	62,1	1,0**	± 0,3	63,8
<i>GD 5%</i>	0,3			
D408xMo17				
F2 (sel)-T	60,4	2,4**	± 0,5	63,4
BC1(sel)-T	61,6	1,9**	± 0,4	64,2
<i>GD 5%</i>	0,2			
D08xNC258				
F2 (sel)-T	61,8	2,1**	± 0,5	64,6
BC1(sel)-T	65,1	1,4**	± 0,4	67,3
<i>GD 5%</i>	0,3			
Kornertrag				
D06xB73				
F2 (sel)-T	95,6	53,7**	± 17,0	107,9
BC1(sel)-T	92,5	20,1*	± 9,3	98,9
<i>GD 5%</i>	2,2			
D408xMo17				
F2 (sel)-T	93,7	59,6**	± 19,8	106,4
BC1(sel)-T	101,1	51,4**	± 19,9	112,1
<i>GD 5%</i>	2,4			
D08xNC258				
F2 (sel)-T	95,8	17,4	± 15,6	-
BC1(sel)-T	93,4	25,5*	± 14,8	100,00
<i>GD 5%</i>	2,4			

*, ** F-Test signifikant bei $P=0,01 + 0,05$

- Brauchbarkeit nicht berechnet, da gen.Varianz nicht signifikant.

Kreuzung D06xB73 doppelt so groß wie in der zugehörigen BC1(sel)-Generation, während für die Kreuzung D408xMo17 beide Varianzschätzwerte in derselben Größenordnung lagen.

Nach diesen Ergebnissen war die züchterische Brauchbarkeit für das Merkmal Kornertrag bei der Kreuzung D06xB73 in der F2(sel)-Generation größer als die der BC1(sel). Bei der Kreuzung D408xMo17 war das Verhältnis dagegen genau umgekehrt. Bei der Kreuzung D08xNC258 war die genetische Varianz in der F2(sel) nicht signifikant, deshalb wurde die züchterische Brauchbarkeit für diese Ausgangspopulation nicht berechnet.

4 Diskussion und Schlußfolgerungen

Experimentelle Arbeiten zur Frage der optimalen Genomanteile von adaptiertem und exotischem Elter in den Ausgangspopulationen wurden von GOUESNARD ET AL. (1996), ALBRECHT UND DUDLEY (1987) und CROSSA UND GARDNER (1987) durchgeführt. Trotz zum Teil unterschiedlicher Ergebnisse kommen die Autoren zu dem Schluß, daß die BC1, selbst bei einer geringeren Variation, aufgrund des deutlich höheren Ausgangsniveaus einen größeren züchterischen Nutzen aufweist. In allen Fällen handelte es sich aber um nichtadaptierte und zugleich leistungsschwache Exoten, deshalb sind die Arbeiten nur eingeschränkt mit den hier gezeigten Daten vergleichbar, da die von uns benutzten exotischen Linien sich zum Teil als sehr leistungsfähig erwiesen. In der vorliegenden Studie wies die BC1-Generation für den Trockensubstanzgehalt von Gesamtpflanze und Korn erwartungsgemäß höhere Mittelwerte als die F2-Generation auf, da die verwendeten adaptierten Linien frühreifer als die nichtadaptierten waren (Tab. 2 und Tab.3). Durch diese Mittelwertunterschiede ergab sich in Experiment 2 auch eine größere züchterische Brauchbarkeit der Rückkreuzungsgeneration zur Verbesserung des Merkmals Korn-TS-Gehalt, obwohl die genetischen Varianzen in der F2-Generation deutlich größer waren.

Für die Merkmale Gesamttrockenmasse und Kornertrag hing die Brauchbarkeit der BC1-Generation dagegen vor allem davon ab, welche adaptierte Linie in der Ausgangspopulation verwendet worden war und welche Leistungsdifferenz zwischen dem adaptierten und dem nichtadaptierten Kreuzungspartner bestand. Bei geringer Unterlegenheit des adaptierten Elters oder gleichem Leistungsniveau erwiesen sich auch die Ertragsunterschiede zwischen BC1- und F2-Generation als gering. Da die F2-Generation einen größeren Genomanteil des exotischen Partners besitzt, ist sie in diesem Fall in ihrer züchterischen Brauchbarkeit zur Nutzung genetischer Ressourcen höher zu bewerten. Besitzt der exotische Elter jedoch ein niedrigeres Ertragspotential als der adaptierte Elter, so empfiehlt sich grundsätzlich mindestens eine Rückkreuzung zum adaptierten Elter, bevor mit der Selektion begonnen wird. Auch in theoretischen

Untersuchungen von HO UND COMSTOCK (1980), DUDLEY (1984), BRIDGES UND GARDNER (1987) sowie in Simulationsstudien von SEITZ (1996, unveröffentlicht) zeigte sich, daß das Leistungsverhältnis zwischen dem adaptierten und dem nichtadaptierten Elter entscheidend für die relative Überlegenheit der BC1 im Vergleich zur F2-Population ist.

Die Beurteilung einer Ausgangspopulation nur nach ihrem Mittelwert ist vor allem für kurzfristige Betrachtungen geeignet. Mittelfristig kann die größere Variation in der F2-Generation zu höheren Selektionsgewinnen als in der BC1-Generation führen. Die relative Vorzüglichkeit einer Ausgangspopulation wird demnach beeinflusst von der Selektionsstrategie, die für die Integration genetischer Ressourcen angewendet werden soll. Simulationsstudien von SEITZ (1996, unveröffentlicht) zeigen, daß die Häufigkeit von Gameten, die alle Adaptationsgene und viele positive Ertragsgene tragen, extrem gering ist. Die Integration von genetischen Ressourcen für quantitative Merkmale ist deshalb nur langfristig, nach vielen Selektionszyklen erreichbar. Dies spricht wiederum für die Verwendung der F2-Generation als Ausgangspopulation. Die zweifache Rekombination der F2-Generation führte im vorliegenden Experiment für die Gesamttrockenmasse zu keinen signifikanten Leistungsveränderungen. Für das Merkmal GTS-Gehalt traten positive Rekombinationseffekte nur bei drei Ausgangskreuzungen auf (Tab. 2 und Daten nicht gezeigt). Dieser geringe Einfluß der Rekombination wird durch experimentelle Befunde aus der Literatur (HOFFBECK ET AL. 1995) bestätigt. Die Autoren erstellten weite Kreuzungen zwischen einer adaptierten und einer nichtadaptierten Population. Durch zweifache Rückkreuzung der F1 zum adaptierten Elter und mehrfache Durchkreuzung der ersten und zweiten Rückkreuzung wurden Generationen mit unterschiedlichen Rekombinationsgraden und Genomanteilen erzeugt. Die Ergebnisse zeigten ebenfalls keine einheitlich positiven Effekte der Rekombination. Nach den bisherigen Daten braucht das aus der Kreuzung zwischen adaptierten und nichtadaptierten Formen hervorgegangene Ausgangsmaterial vor der Selektion daher nicht weiter rekombiniert zu werden.

Im Rahmen dieses Beitrages konnte nur ein kleiner Teil der Probleme, die bei der Optimierung von Selektionsverfahren zur Integration genetischer Ressourcen entstehen, behandelt werden. Es besteht weiterhin ein erheblicher Forschungsbedarf, um die optimalen Methoden zu bestimmen, mit deren Hilfe eine große Zahl von genetischen Ressourcen schnell und effektiv auf ihre potentielle Eignung evaluiert und anschließend erfolgreich in aktuelles Zuchtmaterial integriert werden kann. Hierzu ist eine Zusammenarbeit zwischen Genbanken, Züchtern und staatlichen Institutionen notwendig und erstrebenswert.

5 Danksagung

Die Autoren danken Herrn Prof. Dr. A. Melchinger, Herrn Dr. W. Schmidt (Kleinwanzlebener Saatzucht AG (KWS), Einbeck) und Herrn Dr. W. Schipprack (Maiszuchtgemeinschaft Nordsaat-Strube, Mannheim) für ihre wertvolle Unterstützung bei der Planung und Durchführung der hier vorgestellten Versuche. Das Forschungsvorhaben wurde mit Mitteln der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) gefördert.

6 Literatur

- ALBRECHT, B. AND J. W. DUDLEY (1987): Evaluation of four maize populations containing different proportions of exotic germplasm. *Crop Sci.* **27**, 480-486.
- BRIDGES, W. C. JR. AND C. O. GARDNER (1987): Foundation populations for adapted by exotic crosses. *Crop Sci.* **27**, 501-506.
- CROSSA, J. AND C. O. GARDNER (1987): Introgression of an exotic germplasm for improving an adapted maize population. *Crop Sci.* **27**, 187-190.
- DUDLEY, W. D. (1982): Theory for transfer of alleles. *Crop Sci.* **22**, 631-637.
- DUDLEY, W. D. (1984): Theory for identification and use of exotic germplasm in maize breeding programs. *Maydica* **29**, 391-407.
- GOUESNARD, B., J. SANOU, A. PANOUILLE, V. BOURION AND A. BOYAT (1996): Evaluation of agronomic traits and analysis of exotic germplasm polymorphism in adapted x exotic maize crosses. *Theor. Appl. Genet.* **92**, 368-374.
- GOODMAN, M. M. (1985): Exotic maize germplasm: status, prospects and remedies. *Iowa State Journal of Research*, 497-527.
- HALLAUER, A. R. AND J. R. SEARS (1972): Integration of exotic germplasm into Corn Belt maize breeding programs. *Crop Sci.* **12**, 203-206.
- HO, Y. T. AND R. E. COMSTOCK (1980): Combining superior alleles from two homozygous populations in cross-fertilizing species. *Genet. Res.* **36**, 277-287.
- HOFFBECK, M.D., S.J. OPENSHAW, J.L. GEADELMANN, R.H. PETERSON AND D.D. STUTHMAN (1995): Backcrossing and intermating in an exotic x adapted cross of maize. *Crop Sci.* **35**, 1359-1364.
- SCHNELL, F.W (1983): Probleme der Elternwahl - Ein Überblick. S. 1-11. In: Arbeitstagung der Arbeitsgemeinschaft der Saatzuchtleiter in Gumpenstein, Österreich. 22.-24. Nov. Verlag und Druck der Bundesanstalt für alpenländische Landwirtschaft. Gumpenstein, Österreich.

Züchterische Integration quantitativ bestimmter Eigenschaften - Molekulargenetischer Ansatz

Integration of quantitative traits in breeding - molecular-genetic approach

WOLFGANG ECKE¹

Zusammenfassung

Die Möglichkeit, mit Hilfe molekularer Marker schon an Hand einzelner Kreuzungen umfassende genetische Karten zu erstellen, hat auch neue Möglichkeiten in der Kartierung von QTL (quantitative trait loci) eröffnet. Ein erster Ansatz war hier die Intervallkartierung.

Mit dieser Methode konnten beim Raps in einer spaltenden Doppel-Haploiden-Population aus einer Kreuzung zwischen den Winterrapsorten „Samourai“ und „Mansholt`s Hamburger Raps“ insgesamt 61 QTL für 23 Merkmale kartiert werden. Dabei zeigte sich, daß nicht nur die moderne Leistungssorte „Samourai“, sondern auch die alte Landsorte „Mansholt“ für die meisten der untersuchten Ertrags- und Qualitätsmerkmale von Raps leistungsfähige QTL-Allele besitzt, die in der heutigen Züchtung von Interesse sein könnten. Ein weiterer Ansatz, der erstmals von ESHED UND ZAMIR (1995) für die Tomate beschrieben wurde, ist die QTL-Kartierung in einer sog. "introgression line population". Ausgehend von einer interspezifischen Kreuzung zwischen einer Wildart, *Lycopersicon pennellii*, und der Kulturtomate konnten ESHED UND ZAMIR mit diesem Ansatz insgesamt 104 QTL für 6 Merkmale kartieren, zu denen der Ertrag und verschiedene Ertragsmerkmale der Tomate gehörten. Diese Methode bietet eine deutlich höhere Nachweiswahrscheinlichkeit für QTL als die Intervallkartierung und die QTL können auch wesentlich genauer lokalisiert werden.

Summary

The feasibility to construct dense linkage maps with molecular markers already from single crosses has led to the development of new approaches for the mapping of QTL (quantitative trait loci). One of the first has been the interval mapping. Using this approach, a total of 61 QTL have been mapped for 23 traits in rapeseed in a segregating doubled haploid population derived from a cross between the winter rapeseed varieties „Samourai“ and „Mansholts Hamburger Raps“. Superior QTL alleles for important

¹ Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen

yield and quality traits were not only found in the current variety „Samourai“ but also in the old landrace 'Mansholt', indicating that the latter contains QTL alleles that could still be of interest in rapeseed breeding. A different approach to QTL mapping, the utilization of an "introgression line population", was first described by ESHED AND ZAMIR (1995) for tomato. Using this approach ESHED AND ZAMIR mapped 104 QTL for 6 traits, including yield and yield related traits, in a population derived from an interspecific cross between the wild species *Lycopersicon pennellii* and the cultivated tomato. This method has a higher power of QTL detection than interval mapping and allows a more precise localization of QTL.

1 Einleitung

Anders als bei monogenisch bestimmten Eigenschaften hat bei quantitativ bestimmten Eigenschaften lange das Problem bestanden, die genetischen Faktoren, die der Vererbung dieser Merkmale zugrundeliegen, die sog. QTL oder "quantitative trasi loci", einzeln zu erfassen und in Hinblick auf ihre Wirkung auf das jeweils untersuchte Merkmal zu charakterisieren. Mit klassischen Methoden war dies nur in Ausnahmefällen möglich. Die Entwicklung molekularer Marker hat hier zu deutlichen Fortschritten geführt. Molekulare Marker wie RFLP-, RAPD-, Mikrosatelliten- oder AFLP-Marker erlauben es heute, umfassende genetische Kopplungskarten schon an Hand einzelner Kreuzungen herzustellen. Die Verfügbarkeit solcher Karten hat dann auch neue Möglichkeiten in der Kartierung von QTL eröffnet.

2 Intervallkartierung

Einer der ersten neuen Ansätze, QTL mit Hilfe genetischer Kopplungskarten molekularer Marker zu kartieren, war die Intervallkartierung (LANDER AND BOTSTEIN 1989). Bei dieser Methode werden die QTL in spaltenden Populationen, z. B. F₂-, BC₁-, DH- oder RI-Populationen kartiert. Ausgehend von 2 benachbarten Markern kann dabei über einen Maximum-Likelihood-Ansatz für jeden Punkt in dem Intervall zwischen diesen Markern die Wahrscheinlichkeit bestimmt werden, ob sich dort ein QTL für das gerade untersuchte Merkmal befindet.

Am Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Universität Göttingen wurde dieser Ansatz unter Verwendung des Programms MAPMAKER/QTL (LANDER AND BOTSTEIN 1989) genutzt, um QTL für eine Reihe agronomisch bedeutsamer Merkmale von Raps zu kartieren. Hierzu wurde zunächst aus Mikrosporen der F₁ einer Kreuzung zwischen den Winterrapssorten „Samourai“ und „Mansholt's Hamburger Raps“ eine spaltende DH-Population von 151 Linien hergestellt (UZUNOVA ET AL. 1995). Während „Samourai“ eine moderne französische Leistungssorte ist, handelt es sich bei „Mansholt's Hamburger Raps“ um eine alte niederländische Landsorte.

Soweit hierzu Informationen vorliegen, ist die Sorte „Mansholt“ nie in die Züchtung der heutigen Rapssorten eingegangen. Zumindest zeigt sie von allen untersuchten Winterrapssorten die höchsten

genetischen Distanzen zu aktuellen Sorten und Zuchtstämmen von Winterraps (KNAAK UND ECKE 1995).

In diesem Sinn kann „Mansholt“ schon zu den genetischen Ressourcen von Raps gezählt werden. Die spaltende DH-Population wurde zunächst dazu genutzt, mit Hilfe von molekularen Markern eine genetische Karte des Rapsgenoms zu entwickeln. Diese Karte umfaßt z. Zt. 250 Marker. Dabei handelt es sich hauptsächlich um RFLP-Marker sowie einige RAPD-Marker. Von den kartierten Markern verteilen sich 246 auf 19 ausgedehnte Kopplungsgruppen, die den 19 Chromosomen des Rapsgenoms entsprechen.

Darüber hinaus bilden drei weitere Marker ein eng gekoppeltes Cluster, das als Kopplungsgruppe 20 bezeichnet wird (UZUNOVA ET AL. 1995; nicht publizierte Ergebnisse). Parallel zur Herstellung der genetischen Karte wurde die spaltende DH-Population über zwei Anbaujahre in Feldversuchen geprüft, im zweiten Jahr dabei in drei verschiedenen Parzellentypen mit unterschiedlichen Pflanzdichten. In den Feldversuchen und zusätzlich im Gewächshaus wurden 26 Merkmale erhoben (Tab. 1). Abgesehen vom Erucasäuregehalt handelt es sich bei allen untersuchten Merkmalen um quantitativ bestimmte Merkmale. Neben den beiden Erucasäuregenen konnten mit Hilfe der Intervallkartierung für 23 dieser Merkmale insgesamt 61 QTL auf den verschiedenen Kopplungsgruppen der RFLP-Karte des Rapsgenoms kartiert werden, wobei die Anzahl an QTL pro Merkmal von 1 bis 5 reicht. Nur für Korn- und Strohertrag konnten keine QTL kartiert werden.

In Tabelle 1 sind die QTL durch waagerechte Balken repräsentiert, die jeweils anzeigen, welches Allel zu einer höheren Merkmalsausprägung führt und in welchen Umwelten der entsprechende QTL kartiert werden konnte. Bei etwa zwei Dritteln der kartierten QTL bedingt das Allel des Elters „Mansholt“ die höhere Merkmalsausprägung. Dies gilt insbesondere auch für die untersuchten Ertragsmerkmale sowie den Öl- und Proteingehalt und zeigt damit, daß auch alte Landsorten wie „Mansholt´s Hamburger Raps“ noch QTL-Allele enthalten, die in der Züchtung aktueller Sorten von Interesse sein könnten (ECKE ET AL. 1995, UZUNOVA ET AL. 1995, WEILEDER 1996).

Bei der Anwendung der Intervallkartierung muß allerdings berücksichtigt werden, daß diese Methode eine Reihe von Grenzen und Problemen hat. Ein Problem ist schon in Tabelle 1 erkennbar: obwohl nur wenige der kartierten QTL signifikante QTL x Umwelt Interaktionen aufwiesen, konnten die meisten QTL nur in einer oder zwei der Umwelten kartiert werden, in denen das entsprechende Merkmal geprüft wurde. Grundsätzlich ist die Wahrscheinlichkeit, einen bestimmten QTL zu kartieren, abhängig von der Größe der Kartierungspopulation und dem Verhältnis zwischen der durch den QTL selbst hervorgerufenen, also von ihm erklärten genetischen Varianz und der Gesamtvarianz des Merkmals (LANDER AND BOTSTEIN 1989).

Für QTL mit kleineren und mittleren Effekten ist die Kartierungswahrscheinlichkeit dabei in der Regel kleiner als 1. Zum Teil läßt sich dieses Problem, wie das Beispiel in Tabelle 1 zeigt, ausgleichen, indem man die Kartierungspopulation mehrfach in verschiedenen Umwelten prüft. Dennoch dürfte es bei

keinem der untersuchten Merkmale, außer möglicherweise beim Glucosinolatgehalt, gelungen sein, alle genetischen Faktoren zu kartieren, die in der DH-Population spalten. Ein weiteres Problem der Intervallkartierung liegt in den verhältnismäßig großen Vertrauensintervallen, die sich für die Position der kartierten QTL ergeben. Die Größe der Vertrauensintervalle ist abhängig von den gleichen Parametern, die auch die Kartierungswahrscheinlichkeit beeinflussen (VAN OUYEN 1992, DARVASI ET AL. 1993). Für die beim Raps kartierten QTL liegen sie zwischen 4,6 cM für ein Majorgen der Blattbehaarung auf Kopplungsgruppe 7 und 90 cM für den QTL für die Schotendichte auf Kopplungsgruppe 4.

Wenn man im Hinblick auf die Nutzung pflanzen genetischer Ressourcen an Wildarten denkt oder an Material, das an die üblichen Anbaubedingungen nicht angepaßt ist, können bei der Intervallkartierung noch besondere Probleme auftreten. Wollte man z. B. untersuchen, ob Sommerraps QTL für Ertrags- oder Qualitätsmerkmale enthält, die in der Winterrapszüchtung nützlich sein könnten, würden in den entsprechenden Kreuzungen zwischen Sommer- und Winterraps nicht nur die gesuchten QTL, sondern auch genetische Faktoren spalten, die das Vernalisationsbedürfnis und die Winterhärte kontrollieren. Diese Faktoren würden aber in den für die QTL-Kartierung notwendigen Feldversuchen die Erfassung nahezu aller anderen Merkmale drastisch beeinflussen und könnten damit eine erfolgreiche Kartierung von QTL für Ertrags- oder Qualitätsmerkmale verhindern.

2.1 QTL-Kartierung mit Hilfe isogener Linien

Die genannten Probleme waren der Anlaß für die Entwicklung neuer Methoden der QTL-Kartierung. Einer dieser Ansätze, die QTL-Kartierung mit Hilfe einer sog. "introgression line population" wurde erstmals von ESHED UND ZAMIR (1995) für die Tomate beschrieben und soll im folgenden kurz dargestellt werden: Eine genetische Karte, die mehrere Hundert molekulare Marker umfaßt, bietet die Möglichkeit, den Genotyp einer Pflanze an vielen Positionen im Genom zu bestimmen. Dies kann z. B. genutzt werden, um in einer Rückkreuzung Pflanzen zu selektieren, die möglichst viel genetisches Material des rekurrenten Elters enthalten. Es besteht aber auch die Möglichkeit, beliebige andere Genotypen zu selektieren, so z. B. einen Genotyp, der in einem bestimmten Bereich dem Donorelter entspricht, in allen anderen Bereichen aber dem rekurrenten Elter, der also eine nahezu isogene Linie darstellt. ESHED UND MITARBEITER (1992) haben diese Möglichkeit genutzt, um ausgehend von einer interspezifischen Kreuzung zwischen einer Wildart der Tomate, *Lycopersicon pennellii*, und der kultivierten Tomate, *Lycopersicon esculentum*, eine ganze Serie solcher Linien herzustellen. Jede Linie enthält ein anderes Segment des Genoms der Wildart vor dem genetischen Hintergrund der Kulturtomate. Zusammen repräsentieren die Segmente das gesamte Genom von *L. pennellii*.

Tab. 1: Gene und QTL, die in der spaltenden DH-Population aus der Kreuzung „Mansholt's Hamburger Raps“ x „Samourai“ kartiert wurden

Tab. 1: Genes and QTL mapped in the segregating DH population from the cross „Mansholt's Hamburger Raps“ x „Samourai“

Nr.	Merkmal	kartierte QTLs		Gew. Haus	1992/93				1993/94				
		Anz.	Koppl.-gruppe		Doppelreihe	Drillparzelle	Doppelreihe	Quadratverband	Doppelreihe	Drillparzelle	Quadratverband		
1	Blattbehaarung	2	7, 10										
2	Wüchsigkeit	1	18										
3	Blühbeginn	5	2, 4, 8, 9, 14										
4	Pflanzenlänge bei Blühbeginn	4	2*, 8, 16*, 18*										
5	Blattlänge	1	18										
6	Blattbreite	3	8, 14*, 16										
7	Blühende	1	9										
8	Blühdauer	4	2, 9, 15, 15										
9	Bestandeshöhe	1	16										
10	Längenwachstum während der Blüte	3	1, 2*, 4										
11	Pflanzenlänge bei Reife	3	8, 16, 18										
12	Länge des Haupttriebes	2	1, 4										
13	Anzahl der Nebentriebe	4	2, 4, 13, 19										
14	Stengeldurchmesser	2	5, 18*										
15	Schotenzahl am Haupttrieb	2	4*, 5*										
16	Schotenlänge	1	8*										
17	Schotendichte	3	2, 4, 5										
18	Samen pro Schote	2	5, 18										
19	Tausendkornmasse	5	3, 3, 4, 9, 20*										
20	Korntrag	-											
21	Strohertrag	-											
22	Ernteindex	1	5										
23	Gesamtglucosinolatgehalt	5	2, 3, 9, 16, 18										
24	Erucasäuregehalt	2	6, 12										
25	Ölgehalt	5	6, 10*, 12, 14, 15										
26	Proteingehalt	1	15*										

 Umwelten, in denen das zugehörige Merkmal erhoben wurde
 'Mansholt' Allel erhöht Merkmalsausprägung
 'Samourai' Allel erhöht Merkmalsausprägung
 * QTLs mit signifikanter QTL x Umwelt Interaktion

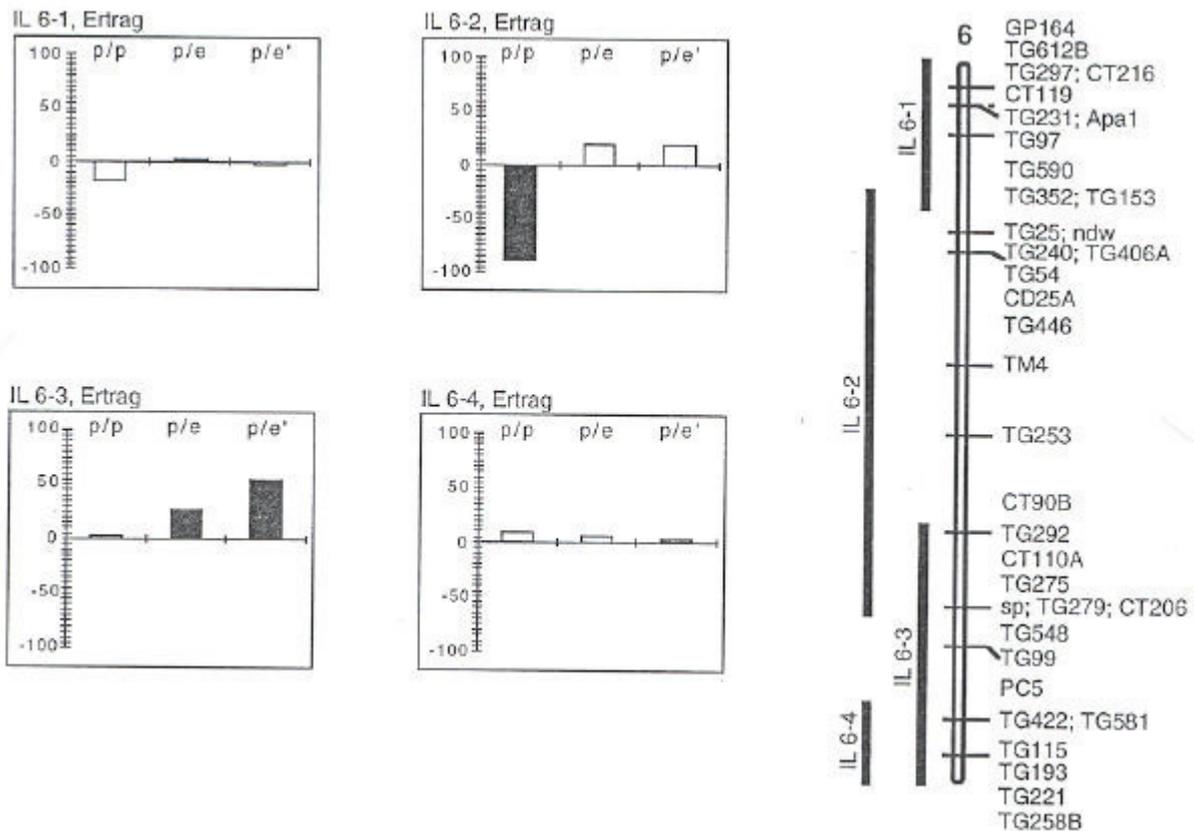


Abb. 1: Ertragsvergleich isogener Linien des Chromosoms 6 von Tomate. Die senkrechten Balken neben der RFLP-Karte von Chromosom 6 der Tomate repräsentieren jeweils Ausdehnung und Lage der in den isogenen Linien IL6-1 bis IL6-4 enthaltenen Segmente des Genoms der Wildart *Lycopersicon pennellii*. p/p: Ertragsvergleich zwischen isogener Linie mit dem Segment der Wildart im homozygoten Zustand und dem rekurrenten Elter M82. p/e: Ertragsvergleich zwischen isogener Linie nach Kreuzung mit M82 und M82. p/e': Ertragsvergleich zwischen Testkreuzungen von isogener Linie und M82 mit A8, einem dritten Genotyp von *L. esculentum*. Ausgefüllte Säulen kennzeichnen signifikante Unterschiede. Nachgezeichnet nach ESHED UND ZAMIR (1995)

Fig. 1: Yield comparisons between near isogenic lines of tomato chromosome 6. The vertical bars on the left side of the RFLP map of tomato chromosome 6 indicate size and position of the introgressed segments from the wild species *L. pennellii* contained in the near isogenic lines IL6-1 to IL6-4. p/p: yield comparison between near isogenic line (donor segment homozygous) and recurrent parent M82. p/e: yield comparison between testcross of the near isogenic line with M82 and M82. p/e': yield comparison between testcrosses of near isogenic line and M82 with A8, a third *L. esculentum* genotype.

In Abbildung 1 ist als Beispiel das Chromosom 6 der Tomate gezeigt. Insgesamt decken 4 isogene Linien, IL6-1 bis IL6-4 das gesamte Chromosom ab, wobei sich benachbarte Segmente teilweise überlappen. Durch einen Vergleich der Merkmalsausprägung zwischen den isogenen Linien und dem rekurrenten Elter bzw. zwischen Testkreuzungen dieser Genotypen kann leicht festgestellt werden, welches der Segmente aus dem Donorelter einen signifikanten Einfluß auf das gerade untersuchte Merkmal besitzt, also einen QTL für dieses Merkmal tragen muß. So zeigte sich bei der isogenen Linie IL6-2 ein deutlich negativer Einfluß auf den Ertrag, wenn das Donorsegment homozygot vorliegt. In den Testkreuzungen ergibt sich dagegen keine signifikante Abweichung von den Vergleichskreuzungen mit dem rekurrenten Elter (Abb. 1). Die Linie IL6-2 muß daher auf ihrem Segment aus der Wildart einen QTL mit rezessiver Vererbung besitzen, der den Ertrag deutlich senkt. Die Linie IL6-3 zeigt dagegen in den Testkreuzungen einen signifikant positiven Effekt auf den Ertrag, muß also einen QTL enthalten, der den Ertrag gegenüber dem rekurrenten Elter noch deutlich erhöhen kann. Bei den Linien IL6-1 und IL6-4 treten dagegen keine Ertragseffekte auf. Die in diesen Linien enthaltenen Segmente tragen daher wahrscheinlich keine QTL für dieses Merkmal.

ESHED UND ZAMIR haben in der von ihnen hergestellten Population von isogenen Linien sechs Merkmale untersucht (Tab. 2). Dabei konnten zwischen 11 und 23 QTL pro Merkmal kartiert werden, insgesamt 104 QTL. Die Anzahl an kartierten QTL für die Merkmale "Konzentration an löslichen Inhaltsstoffen" und "Fruchtmasse" ist hier etwa doppelt so hoch, wie die Anzahl an QTL, die für diese Merkmale in früheren Untersuchungen mit Hilfe der Intervallkartierung kartiert werden konnten (PATERSON ET AL. 1988, 1991; GOLDMAN ET AL. 1995). Dabei ist noch zu berücksichtigen, daß in den früheren Untersuchungen sehr große Kartierungspopulationen von bis zu 350 Individuen bzw. F3-Familien verwendet und umfangreiche z. T. mehrortige Feldversuche durchgeführt wurden. Die Ergebnisse von ESHED UND ZAMIR beruhen dagegen auf nur 50 isogenen Linien und verhältnismäßig kleinen Feldversuchen.

Die Wahrscheinlichkeit, einen bestimmten QTL nachweisen und kartieren zu können, ist bei dieser Methode daher deutlich höher als bei der Intervallkartierung. Darüber hinaus erlaubt dieser Ansatz eine sehr viel genauere Lokalisation der kartierten QTL, wenn man bedenkt, daß sich die Segmente des Donorelters in den isogenen Linien in weiteren Rückkreuzungsschritten fast beliebig weiter zerlegen lassen. Im Hinblick auf eine praktische Nutzung kartierter QTL besitzt die Methode einen weiteren Vorteil: Wenn man QTL aus leistungsmäßig oder klimatisch nicht angepaßten Genotypen nutzen möchte, wird es immer nötig sein, die QTL in den genetischen Hintergrund einer angepaßten Sorte zu übertragen. Bei einer Kartierung in spaltenden Populationen wie F2-, BC1- oder DH-Populationen ist man von einer solchen Übertragung noch sehr weit entfernt. Bei isogenen Linien ist die Übertragung dagegen fast abgeschlossen. Hier kann es allenfalls noch notwendig sein, das Segment des Donorelters weiter zu verkleinern.

Tab. 2: In der „introgression line population“ der Tomate kartierte QTL

Tab. 2: QTL mapped in the introgression line population of tomato

Merkm ^{al}	Anzahl kartierter QTL
Vegetative Pflanzenmasse	16
Gewichtsprozent grüne Früchte	22
Fruchtmasse	18
Konzentration löslicher Inhaltsstoffe (Brix)	23
Ertrag	11
Ertrag löslicher Inhaltsstoffe	14
Summe	104

Quelle: nach ESHED UND ZAMIR (1995)

2.2 Weiterer Forschungsbedarf

Neben den oben dargestellten Methoden zur QTL-Kartierung wurden einige weitere Ansätze entwickelt. Zu nennen wäre doch hier vor allem die sog. "advanced backcross analysis" (TANKSLEY AND NELSON 1996) sowie das "composite interval mapping", welches als Weiterentwicklung der einfachen Intervallkartierung eine höhere Kartierungswahrscheinlichkeit besitzt und auch eine genauere Lokalisation kartierter QTL ermöglicht (UTZ AND MELCHINGER 1994). Grundsätzlich stehen mit diesen Methoden heute eine Reihe von Ansätzen zur Verfügung, die es erlauben, auch die Gene zu erfassen und zu nutzen, die der Ausprägung quantitativ bestimmter Eigenschaften zugrundeliegen. Der Aufwand für eine QTL-Kartierung ist allerdings verhältnismäßig hoch. Es wird hier nicht möglich sein, eine sehr große Zahl an Kreuzungen zu bearbeiten. Hält man dem den Umfang der Sammlungen in Genbanken entgegen, ergibt sich das Problem, jeweils den Genotyp auszuwählen, der die größten Aussichten bietet, QTL zu finden, die in der Züchtung der Kulturform nützlich sein könnten.

Zwar haben bisherige Untersuchungen vor allem an der Tomate gezeigt, daß selbst in Wildarten QTL-Allele für Ertrag und Ertragsmerkmale vorkommen können, die den entsprechenden QTL-Allelen in der Kulturform überlegen sind (DE VINCENTE AND TANKSLEY 1993; ESHED AND ZAMIR 1994, 1995). Diese Allele lassen sich in ihrer Wirkung aber in der Wildart oft nicht nachweisen sondern treten erst in der Kreuzung mit der Kulturform zutage. Hier wären rasche und wenig aufwendige Methoden wünschenswert, die es erlauben würden, eine große Zahl an Genotypen auf das Vorhandensein solcher QTL-Allele zu prüfen.

3 Literatur

- DARVASI, A., A. WEINREB, V. MINKE, V. WELLER AND M. SOLLER (1993): Detecting marker-QTL linkage and estimating QTL gene effect and map location using a saturated genetic map. *Genetics* **134**, 943-951.
- ECKE, W., M. UZUNOVA AND K. WEILEDER (1995): Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L.). II. Localization of genes controlling erucic acid synthesis and seed oil content. *Theor. Appl. Genet.* **91**, 972-977.
- ESHED, Y. AND D. ZAMIR (1994): Introgressions from *Lycopersicon pennellii* can improve the soluble-solids yield of tomato hybrids. *Theor. Appl. Genet.* **88**, 891-897.
- ESHED, Y. AND D. ZAMIR (1995): An introgression line population of *Lycopersicon pennellii* in the cultivated tomato enables the identification and fine mapping of yield-associated QTL. *Genetics* **141**, 1147-1162.
- ESHED, Y., M. ABU-ABIED, Y. SARANGA AND D. ZAMIR (1992): *Lycopersicon esculentum* lines containing small overlapping introgressions from *L. pennellii*. *Theor. Appl. Genet.* **83**, 1027-1034.
- GOLDMAN, I. L., I. PARAN AND D. ZAMIR (1995): Quantitative trait locus analysis of a recombinant inbred line population derived from a *Lycopersicon esculentum* x *Lycopersicon cheesmanii* cross. *Theor. Appl. Genet.* **90**, 925-932.
- KNAAK, C. UND W. ECKE (1995) : RFLP-Analyse zur Schätzung genetischer Distanzen bei Winterraps. *Votr. Pflanzenzüchtung* **31**, 80-83.
- LANDER, E. S. AND D. BOTSTEIN (1989): Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. *Genetics* **121**, 185-199.
- OIJEN, J. W. VAN (1992): Accuracy of mapping quantitative trait loci in autogamous species. *Theor. Appl. Genet.* **84**, 803-811.
- PATERSON, A. H., E. S. LANDER, J. D. HEWITT, S. PETERSON, S. E. LINCOLN AND S. D. TANKSLEY (1988): Resolution of quantitative traits into Mendelian factors by using a complete linkage map of restriction fragment length polymorphisms. *Nature* **335**, 721-726.
- PATERSON, A. H., S. DAMON, J. D. HEWITT, D. ZAMIR, H. D. RABINOWITCH, S. E. LINCOLN, E. S. LANDER AND S. D. TANKSLEY (1991): Mendelian factors underlying quantitative traits in tomato: Comparison across species, generations, and environments. *Genetics* **127**, 181-197.
- TANKSLEY, S. D. AND J. C. NELSON (1996): Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theor. Appl. Genet.* **92**, 191-203.
- UTZ, H. F. AND A. E. MELCHINGER (1994): Comparison of different approaches to interval mapping of quantitative trait loci. In: OIJEN, J.W. VAN AND J. JANSEN (eds.), *Biometrics in Plant Breeding: Applications of Molecular Markers*. Wageningen, 195-204.
- UZUNOVA, M., W. ECKE, K. WEILEDER AND G. RÖBBELEN (1995): Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L.). I. Construction of an RFLP linkage map and localization of QTLs for seed glucosinolate content. *Theor. Appl. Genet.* **90**, 194 - 204.

Züchterische Integration quantitativ bestimmter Eigenschaften - molekulargenetischer Ansatz

VICENTE, M. C. DE AND S. D. TANKSLEY (1993): QTL analysis of transgressive segregation in an interspecific Tomato cross. *Genetics* **134**, 585-596.

WEILEDER, K. (1996): Genetische Kartierung von Loci für züchterisch bedeutsame Merkmale beim Winterraps (*Brassica napus* L.). Dissertation, Fachbereich Agrarwissenschaften, Universität Göttingen, Cuvillier Verlag, Göttingen

Nutzung genetischer Ressourcen in der Züchtung für den ökologischen Landbau

Use of genetic resources in breeding for ecological farming

KARL-JOSEF MÜLLER ¹

Zusammenfassung

Im ökologischen Getreidebau sind Eigenschaften gefragt, die bei den gehandelten Sorten nicht vorhanden sind. Vergleichende Untersuchungen unter Hinzuziehung genetischer Ressourcen zeigten, daß die sorteneigene Beikrautregulierung durch Beschattung bei Gerste und Weizen noch wesentlich verbessert werden kann. An Standorten geringer Bonität unter organischer Bewirtschaftung konnten nur mit genetischen Ressourcen die vom Handel für Weizen geforderten Verarbeitungsqualitäten erzielt werden. Eine Nutzung genetischer Ressourcen wird ebenfalls bezüglich Toleranzen gegenüber allen samenübertragbaren Krankheiten gesehen, wenn eine ökologische Saatgutbeizung nicht möglich ist.

Die charakteristischen morphologischen Typen unterschiedlicher Regionen der Erde, die in den Samensammlungen erhalten werden, ermöglichen darüber hinaus, Eigenschaften mit Rücksicht auf das Umfeld zu beurteilen, in dem sie sich entwickelt haben. Darauf aufbauend lassen sich Ansätze für regional oder betriebssystemspezifisch ausgerichtete Sorten entwickeln, die dem Streben nach weitgehend geschlossenen Kreisläufen, einer standortangepaßten Bewirtschaftung und der ganzheitlichen Ausrichtung des organischen Landbaus mit Rücksicht auf die Wesenhaftigkeit der Organismen besser gerecht werden.

Ein besonderer Wert wird den genetischen Ressourcen für eine künftige erweiterte Beurteilung von Eigenschaften im Kontext der jeweiligen Art und der sie modifizierenden Anbaubedingungen beigemessen. Dieser Ansatz wird als eine für den ökologischen Landbau unmittelbar notwendige Ergänzung gegenüber der Eigenschaften isolierenden Vorgehensweise der Gentechnik angesehen, um ökologisch akzeptable Zuchtmethoden entwickeln zu können.

¹ Gesellschaft zur Förderung goetheanistischer Forschung e.V.
Darzau 1
29490 Neu Darchau

Summary

In ecological growing of grain, features are asked which are not available in the varieties dealt with. Comparative investigations by using genetic resources showed that the light-competitiveness against weeds with barley and wheat still essentially could be better. At sites with poor grounds under organic cultivation, the processing quality required by market for wheat could be achieved only with genetic resources.

A use of genetic resources is seen also concerning tolerances to all seed born diseases if an ecological seed treatment is impossible. Furthermore, the characteristic morphological forms of varieties from different areas of earth which are preserved in the seed collections make it possible to judge qualities by taking into consideration the environment where they developed. Approaches can be developed upon this for varieties straightened regionally or farming-system-specifically, that might be better for the aspiration to extensive closed circuits, to a cultivation adapted to the location and to the integrated direction of organic agriculture taking into consideration the peculiarity and nature of the organisms.

The genetic resources will also attach importance for an extended assessment of features in future in the context of each variety and under modified growing conditions. For organic agriculture this approach is taken as an immediate necessary complement compared to the isolating procedure of gene technology in order to be able to develop acceptable ecological breeding methods.

1 Sorteneigene Beikrautregulierung

Der Wert der genetischen Ressourcen des Getreides liegt für den ökologischen Landbau zunächst in all den Eigenschaften, die im Verlauf der mineralisch-synthetischen Bewirtschaftung des vergangenen Jahrhunderts vernachlässigt werden konnten. Der Vorteil einer pflanzeigenen Beikrautregulierung durch Beschattung beispielsweise wird erst offensichtlich, wenn sich insbesondere unter Hinzuziehung genetischer Ressourcen bei Vergleichsuntersuchungen unter den konkreten Bedingungen ökologischer Bewirtschaftung entsprechende morphologische Typen hervorheben können. Untersuchungen an Sommerspeisegerste zeigten, daß Bestände, die zum Ende der Bestockung durchschnittlich 10 cm höher waren, auch eine um ca. 10% höhere Beschattung aufwiesen (Abb.1). Die Entfaltung konkurrierender Beikräuter kann über diese höhere Beschattung effizient behindert werden. Vergleichbare Beobachtungen konnten auch an Winterweizen bei organischer Düngung auf leichten Standorten (ca. 35-40 Bodenpunkte) gemacht werden. Die Charakteristik der Bestandesentwicklung im Monat Mai beim Vergleich der Sorte „Bussard“ mit der Ressource „Staatzer“ verdeutlicht die Möglichkeiten zur Selektion auf eine effizientere Beikrautbeschattung (Abb.2). Bei der Ressource „Staatzer“ ist wesentlich weniger Boden zu sehen als bei der im ökologischen Landbau häufig angebauten Sorte „Bussard“. Dadurch steht konkurrierenden Beikräutern weniger Licht zur Verfügung.

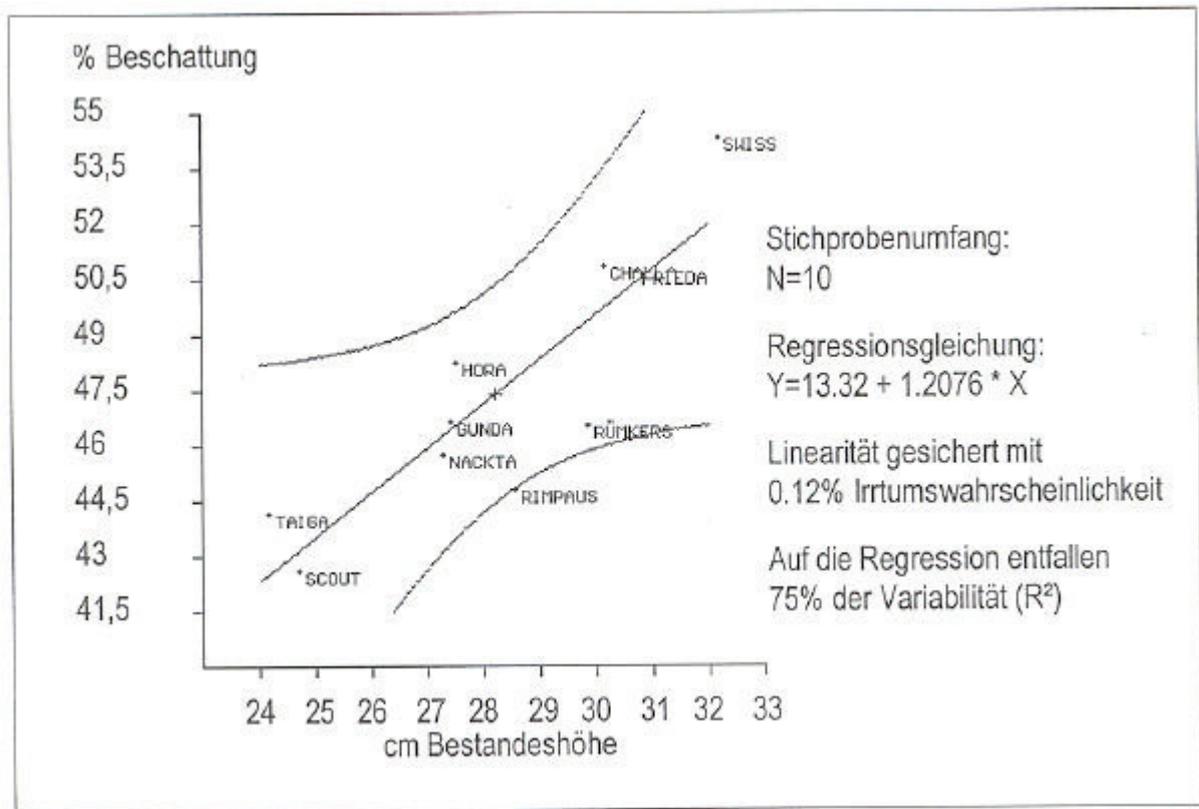


Abb. 1: Einfluß der Bestandeshöhe in cm auf den Beschattungsgrad in % an 10 Sommernacktgersten zum Ende der Bestockung (EC 30) unter Verwendung der Mittelwerte der Standorte Tangsehl (Ostheide) 1991, 1992, 1993 und Wiesengut (Rhein-Sieg-Kreis) 1992, 1993 (MÜLLER 1995)

Fig. 1: Influence of the growing height in cm to the degree of shading in % (light-competitiveness) with 10 hulled spring barley varieties up to tiller formation (EC 30) by using the mean values of the sites Tangsehl 1991, 1992, 1993 and Wiesengut 1992, 1993.

[SWISS=BGRC 13154{Neue de Kardoz}; CHALLA=BGRC 12637 {Munster};

Source: (FAL-Braunschweig-Völkenrode)]

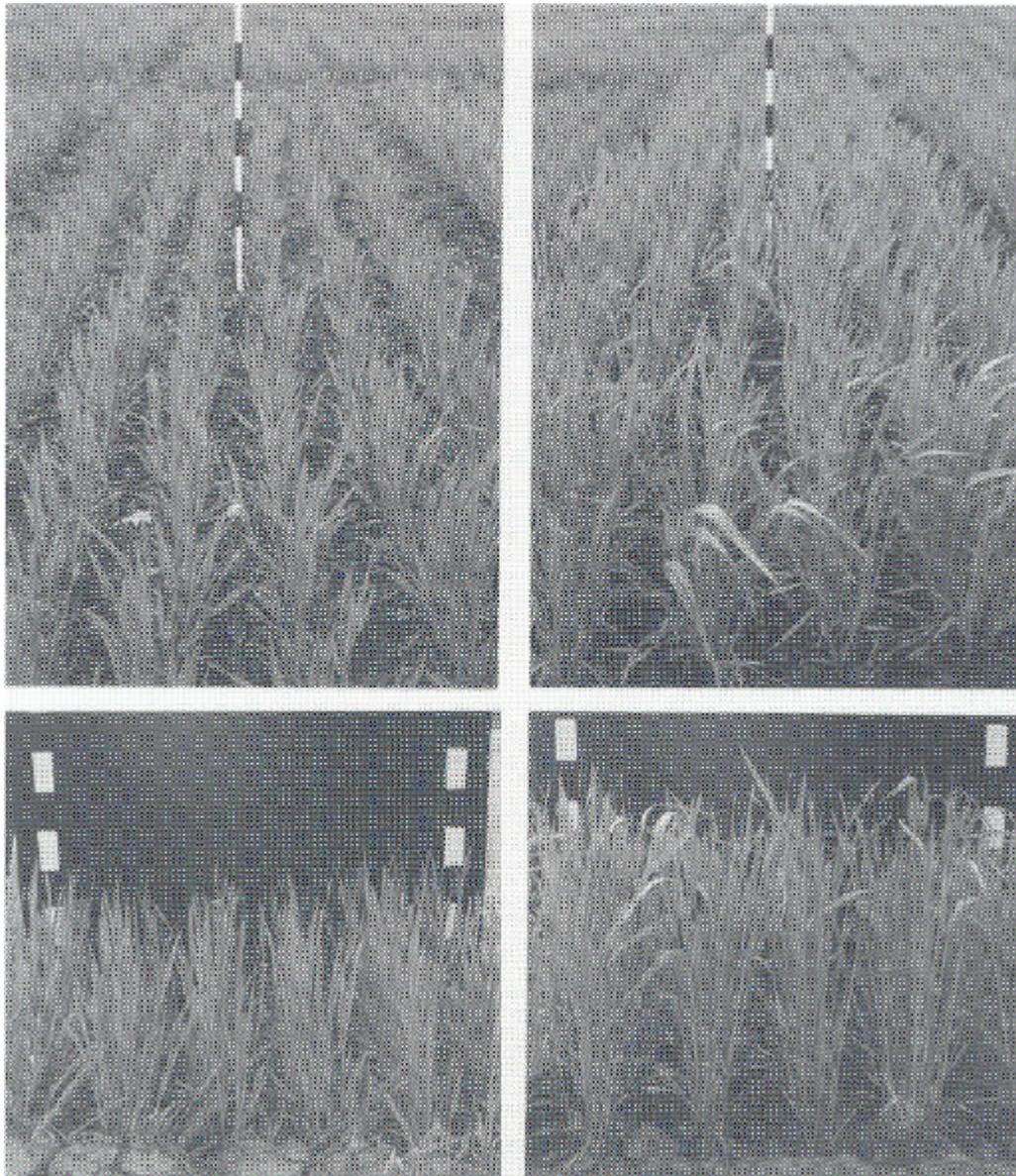


Abb. 2: Wuchshöhen von zwei Winterweizen in verschiedenen Entwicklungsstadien am Standort Köhlingen (Ostheide) 1997 (Links: Sorte „BUSSARD“; Rechts: „STAATZER“ [BGRC 1214]). Quelle : FAL-Braunschweig-Völkerode

Fig. 2: Growth heights of two winter wheats in different phases of development on the site Köhlingen 1997 (Left: Variety „BUSSARD“; Right: „STAATZER“ [BGRC 1214]; Source: (FAL-Braunschweig-Völkerode))

Da im ökologischen Landbau jeder Betrieb als ein in sich geschlossener Organismus verstanden wird, dessen Viehbesatz und damit auch verfügbarer Dünger von den innerbetrieblich erzeugten Futtermitteln begrenzt wird, können - nicht zuletzt auch in Abhängigkeit von der betrieblichen Organisation - regional sehr unterschiedliche Ertragspotentiale verwirklicht werden. Dies erfordert auch im Hinblick auf eine effiziente Beschattung insbesondere in den späteren Vegetationsabschnitten regional unterschiedliche morphologische Typen. An Standorten mit hohem Ertragspotential, an denen die Bestände dichter und vor allem auch höher werden können, neigen morphologische Typen wie der Weizen „Staatzer“ oder die Gerste „Swiss“, die wegen ihrer Wuchshöhe (und die Gerste „Swiss“ auch wegen sehr breiter Blätter) eine hohe Beschattung erzielen, zum Lagern. Unter ertragreicheren Bedingungen wäre daher morphologischen Typen von kürzerem Wuchs und mit längeren Blättern, die aufgrund höherer Bestandesdichten zwangsläufig schmaler sein sollten, der Vorzug zu geben. Auch diesbezüglich konnten Ressourcen mit entsprechenden Eigenschaften gefunden werden, wie beispielsweise das Gerstenmuster „Lyallpur 3647“ [HOR 1452 (IPK Gatersleben)] mit außergewöhnlich langen Blättern.

2 Verarbeitungseigenschaften bei Weizen

Eine Beschränkung auf innerbetrieblich erzeugte organische Dünger führt insbesondere auf den leichten, zumeist auch trockengefährdeten Standorten dazu, daß mit den derzeit verfügbaren Qualitätsweizen die Kleberbildung nicht in einer Weise unterstützt werden kann, die für eine zufriedenstellende Verarbeitungsqualität gefordert wird. Feuchtklebergehalte von unter 20% nach dem ICC-Standard Nr. 155 auf der Basis von Feinschrot sind über den Handel nur noch zu Futterzwecken absetzbar. Auf Standorten mit 30-40 Bodenpunkten wird diese Grenze aber nur unter Ertragsverzicht durch Spätsaat mit sehr dünnen Beständen oder weiten Reihenabständen und einer Maschinenhacke erreicht. Über eine mehrjährige Evaluierung von Weizenmustern, die von der FAL-Braunschweig-Völkenrode zur Verfügung gestellt wurden, konnten inzwischen Proben gefunden werden, die sich durch zufriedenstellende Feuchtklebergehalte auszeichneten. Besonders hervorzuheben ist das Muster ‚Rastatter‘ [BGRC 27794] (Abb.3). Doch auch bei einer Anhebung der Feuchtklebergehalte durch entsprechende Sorten wird dafür auf Ertrag verzichtet werden müssen. Dennoch ist zu erwarten, daß mit den aufgefundenen Ressourcen Sorten hervorgebracht werden können, die bei geringerem Aufwand ertraglich mehr befriedigen als die derzeit verfügbaren. Bei den Weizen-Evaluierungen zeigte sich darüber hinaus, daß höhere Feuchtklebergehalte mit weicheren Kleberkonsistenzen einhergehen (Abb.4; Kleberindex 100 bedeutet sehr fester Kleber). Einerseits ließ sich feststellen, daß die neueren Weizen insgesamt festere Kleber aufwiesen, andererseits daß Sorten mit festem Kleber bei standörtlich niedrigem Ertragsniveau unter günstigeren Standortbedingungen in der Kleberkonsistenz weicher wurden. Für die Verarbeitung werden Kleberindices von 50-80 gewünscht. Da die neueren Sorten an den in Frage kommenden Standorten immer sehr feste Kleber haben (>90), bieten die gefundenen Ressourcen auch diesbezüglich eine Möglichkeit zur züchterischen Optimierung.

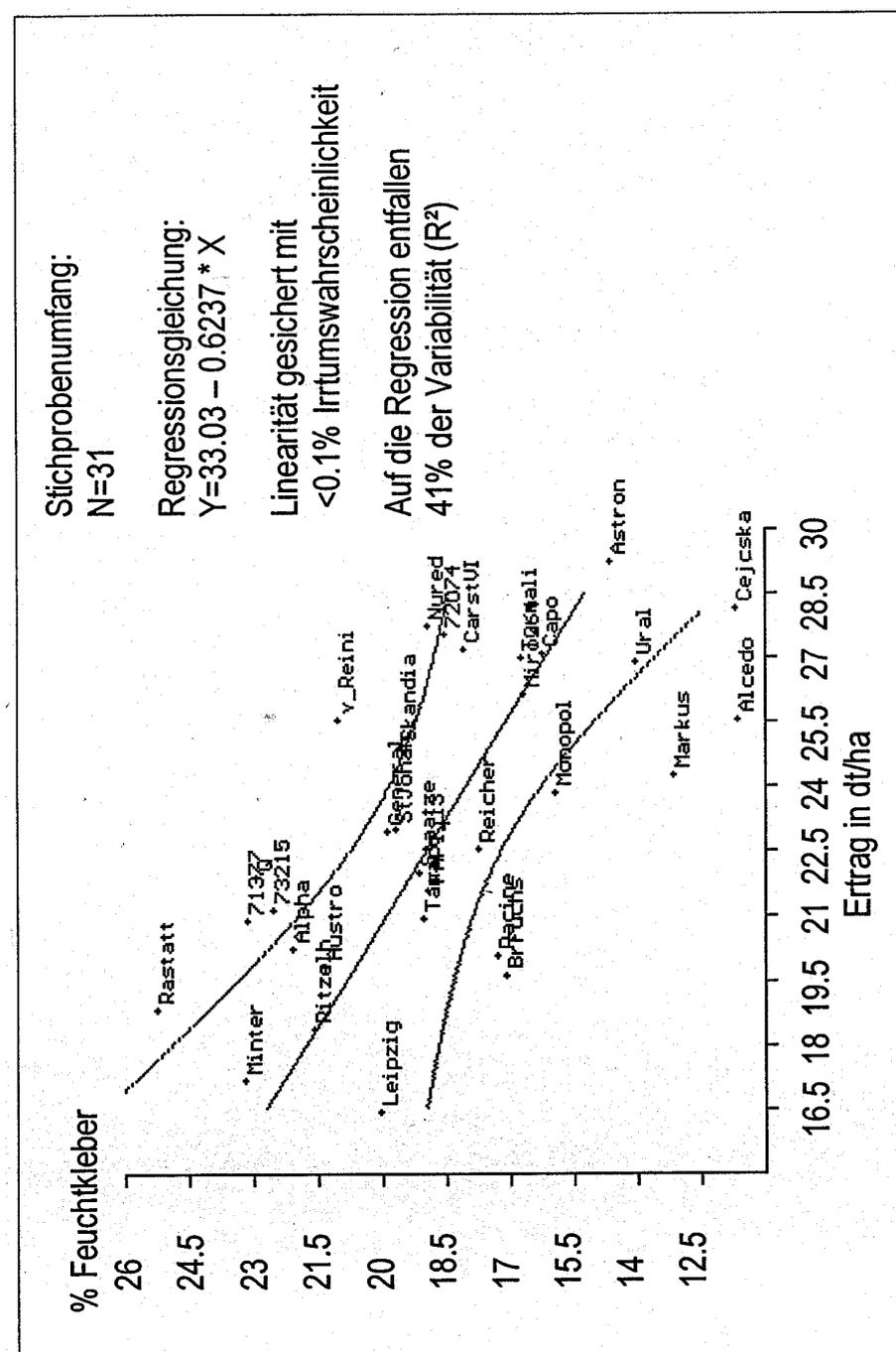


Abb. 3: Der Feuchtklebergehalt in Abhängigkeit vom Ertragsniveau an einer Auswahl älterer und neuerer Winterweizen anhand der Mittelwerte der Standorte Darzau 1995, Tangsehl 1996 und Köhlingen 1997 (alle Standorte auf leichten Böden unter organischer Bewirtschaftung in der Ostheide)

Fig. 3: The relationship between gluten content and yield at an assortment of older and newer winter wheats using the mean values of the sites Darzau 1995, Tangsehl 1996 and Köhlingen 1997 (all sites on poor grounds under organic farming conditions)

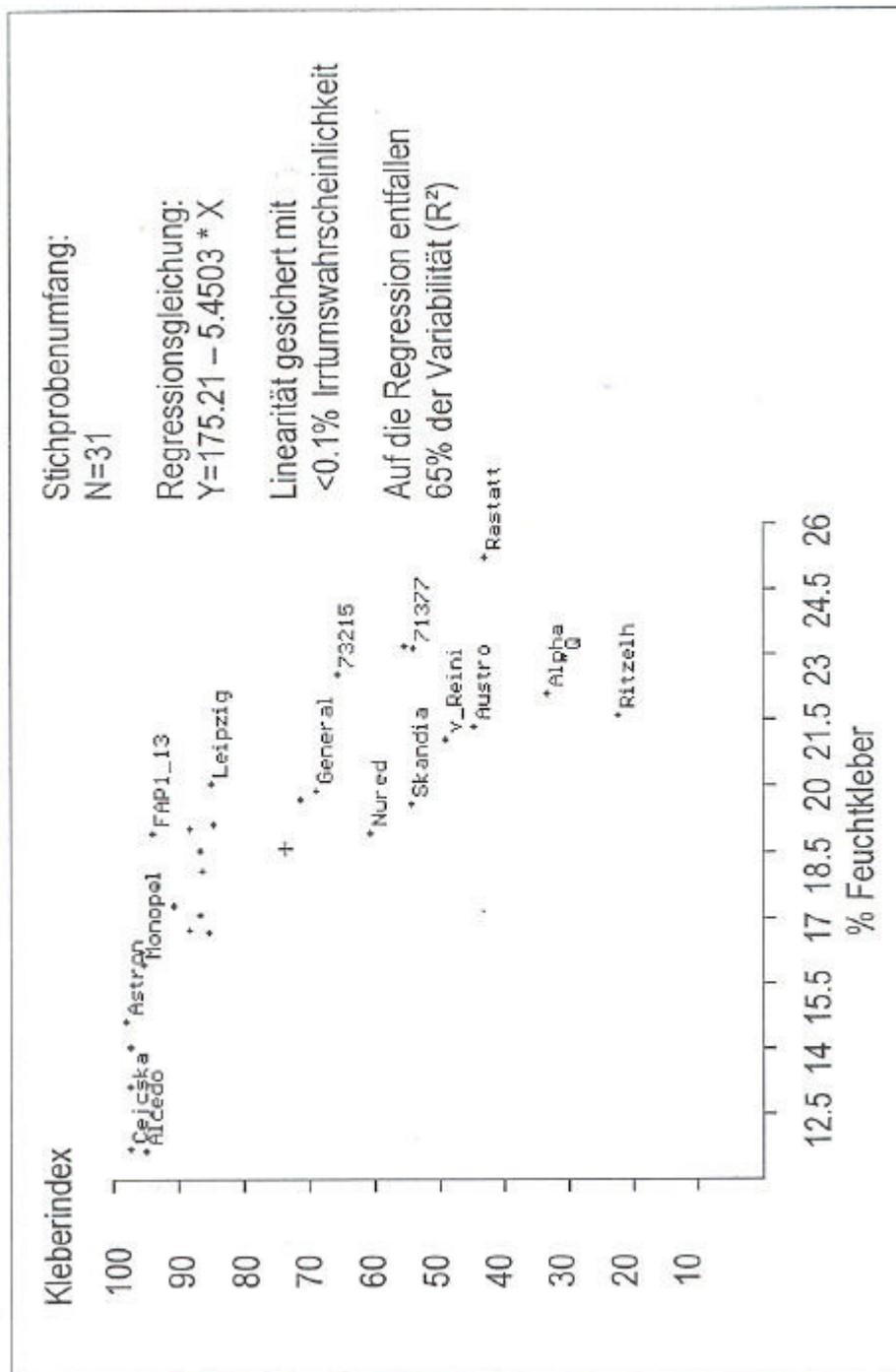


Abb. 4: Das Verhältnis des Kleberindex zum Feuchtklebergehalt an einer Auswahl älterer und neuerer Winterweizen anhand der Mittelwerte der Standorte Darzau 1995, Tangsehl 1996 und Köhlingen 1997

Fig. 4: The relationship between gluten index and gluten content at an assortment of older and newer winter wheats using the mean values of the sites Darzau 1995, Tangsehl 1996 and Köhlingen 1997

3 Samenübertragbare Krankheiten

Vermehrung und Nachbau unter ökologischen Anbaubedingungen lassen die Toleranz gegenüber samenübertragbaren Krankheiten zu einem weiteren Anliegen des ökologischen Landbaus werden. Aufgrund der chemischen Beizung wurde die Toleranz gegenüber Stinkbrand (*Tilletia caries* (DC.) Tul.) bei Weizen lange Zeit züchterisch völlig vernachlässigt. In der Praxis treten dadurch wiederholt Ausfälle hinsichtlich der Vermarktbarkeit befallener Partien auf. Geeignete Ressourcen wären auf ein für den ökologischen Landbau zufriedenstellendes Ertragsniveau anzuheben. Bei Sommergerste konnte verschiedentlich das Auftreten der ebenfalls samenbürtigen Streifenkrankheit (*Drechslera graminea* (Rabenh.) Shoem.) beobachtet werden. Die Anfälligkeit kann jedoch sehr unterschiedlich ausgeprägt sein. Bei vielen Sorten zeigen die befallenen Pflanzen nur eine geringe Verzweigung des Sproßes mit ausgeprägten Streifensymptomen, bei manchen Mustern bleiben die Pflanzen sehr klein und in der Farbe dunkler oder verkümmern sogar vollständig (Abb. 5). Diesbezüglich sind vertiefende Evaluierungsarbeiten erforderlich, um zu einer Beurteilung der unterschiedlichen Eigenschaften bei einem Befall und einer geeigneten züchterischen Strategie zu kommen. Ebenfalls von Interesse sind Resistenzen gegenüber allen Brandkrankheiten. Insbesondere dann, wenn der Pilz bereits nach der Blüte des Getreides in das Korn hineinwächst wie beispielsweise beim Gerstenflugbrand (*Ustilago tritici* (Pers.) Rostrup f. sp. hordei (Schaffnit) Boerema, Pieters und Hamers) und nicht nur äußerlich dem Korn anhaftet wie beim Gerstenhartbrand (*Ustilago hordei* (Pers.) Lagerh.). Bei den Brandkrankheiten kann an zum Teil umfangreiche und in der Literatur dokumentierte Evaluierungsarbeiten und entsprechend ausgewiesene Muster angeknüpft werden. Bei der Streifenkrankheit finden sich nur vereinzelte kleinere Erhebungen.

4 Morphologische Standortbezogenheit

Die Charakteristik der verschiedenen Herkünfte bei Sommergersten, wie sie sich insbesondere bei den noch nicht nach neuzeitlichen Gesichtspunkten kreuzungszüchterisch bearbeiteten Mustern fand, macht auf den regionalen Bezug von morphologischen Typen aufmerksam. Die je nach Erdregion zum Teil erheblichen Unterschiede zum Beispiel in der Blattmorphologie und Blattfarbe, Entwicklungsdynamik und Blattmetamorphose weisen geradezu darauf hin, daß es im Wesen der Pflanze liegt, sich an die lokalen Gegebenheiten in individueller Weise anzupassen. Das Bestreben des ökologischen Landbaues, die potentiell mögliche Fruchtbarkeit aus weitgehend in sich geschlossenen Kreisläufen standortangemessen zu entwickeln, trägt ebenfalls zu einer ausgeprägteren Verschiedenartigkeit lokaler Eigenarten bei. Insofern läßt sich anhand der verschiedenen morphologischen Typen, die sich innerhalb der genetischen Ressourcen finden, verdeutlichen, daß Standortanpassung nicht nur im Hinblick auf mögliche Ertragsoptimierungen eine Rolle spielt, sondern auch als Beziehung des pflanzlichen Organismus zu seinem Umraum im Denken erlebt und bei der Selektion berücksichtigt werden kann.

Dies hat nicht nur Konsequenzen für die Züchtung, die ihre Vorstellung von pflanzlichen Organismen und Eigenschaften im Verhältnis zum Umraum erweitern muß, sondern auch für die Sortenankennung, die im ökologischen Landbau regionalen, standort- und versuchsspezifischen Unterschieden mehr Bedeutung beimessen sollte als allgemeinen Sortenmittelwerten. Letztendlich werden Eigenschaften für den ökologischen Landbau künftig über einen erweiterten Kontext zu beurteilen sein.



Abb. 5: Von der Streifenkrankheit (*Drechslera graminea* (Rabenh.) Shoem.) befallene Sommergersten (Links: normaler Befall mit Streifensymptomen; rechts: ausgeprägte Verzweigung).

Fig. 5: Spring barleys infected with stripe disease (*Drechslera graminea* (Rabenh.) Shoem.), Left: regular stripe symptoms; Right: dwarfness.

5 Künftige Beurteilung von Eigenschaften

Die Entwicklung der modernen Züchtungsmethoden bis hin zur Gentechnik führte zu einer immer isolierteren Handhabung von Eigenschaften, die in der Vorstellung der Loslösung einer Eigenschaft selbst von der Art, an der sie beobachtet wurde, und ihrer Projektion auf ein Molekül ihren derzeitigen Höhepunkt erreicht hat. Schon diese Gedankenrichtung widerstrebt den Bestrebungen des ökologischen Landbaus nach einer ganzheitlichen Sicht bei der Lösung von Problemen. Mit dieser isolierenden Betrachtung sehen sich aber auch die Züchter im ökologischen Landbau konfrontiert, schon allein durch die allgemeine schulische und universitäre Ausbildung in dieser Richtung. Die Frage, in welcher Beziehung die Eigenschaft einer Nahrungspflanze zum Wesen des Menschen steht, gewinnt jedoch zunehmend an Dringlichkeit. Eine Antwort auf diese Frage läßt sich nicht über eine Nützlichkeitsdiskussion finden. Vielmehr erfordert es, Eigenschaften zunächst im Zusammenhang mit den Qualitäten zu betrachten und zu erleben, die an ihrer Hervorbringung, Förderung oder Hemmung beteiligt sind. Diesbezüglich stellen die genetischen Ressourcen eine wertvolle Quelle für vergleichende Untersuchungen dar, die künftig vorzunehmen sind. Es wird sich darum handeln, anhand des Vorhandenseins oder des Grades der Ausprägung von Eigenschaften bei Herkünften aus bestimmten Regionen herauszufinden, welche Bedingungen für die Hervorbringung bzw. Selektion auf die Eigenschaft von wesentlicher Bedeutung sind. Des weiteren wird erforderlich sein, mit unterschiedlichen Herkünften graduelle Abstufungen ausgewählter Bedingungen aufzusuchen, um auf diese Weise einen Weg zu finden zur qualitativen Beurteilung von Eigenschaften in Relation zum Umfeld, in dem sie erscheinen. Welche Bedeutung dies dann für den Menschen hat, wird sich aus der Betrachtung selbst schlußendlich ergeben und sich auch auf die züchterische Vorgehensweise auswirken. Es wird das polare Gegenstück zur Entwicklung der Gentechnik darstellen und auch zu einer differenzierteren Bewertung der jeweiligen züchterischen Praktiken führen.

6 Danksagung

Danken möchte ich an dieser Stelle der EDEN-Stiftung, Bad Soden, der Mahle-Stiftung, Stuttgart, und dem Rudolf-Steiner-Fonds, Nürnberg, welche die Untersuchungen gefördert haben, deren Ergebnisse in diesen Beitrag eingeflossen sind.

7 Literatur

MÜLLER, K.J. (1995): Morphologische Aspekte zur Beikrautregulierung durch Beschattung bei Sommerspeisergerste. In: DEWES, T.; L. SCHMITT [Hrsg.]: Beiträge zur 3. Wissenschaftstagung zum Ökologischen Landbau vom 21.-23. Februar 1995 an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, 69-72.

Nutzung genetischer Ressourcen in der Maiszüchtung

Use of genetic resources in maize breeding

PETER G. GOERTZ¹

Zusammenfassung

Zunächst wird die Frage erörtert, was sind genetische Ressourcen (GR) für die private Maiszüchtung und wie sind diese zu bewerten. Bei der Betrachtung der Nutzung für Hohertragsregionen (wie in Europa oder USA) sind die heute öffentlich verwalteten GR nur sehr begrenzt brauchbar. Der europäische Saatmaismarkt mit über 40 Mio ha ist neben den USA der attraktivste und demzufolge auch mit hoher Intensität züchterisch bearbeitet. Die Zuchtfortschritte in den USA (seit über 70 J.) und in Europa (seit über 30 J.), die zu über 90% das Genmaterial für Europa liefern, sind in den privaten Zuchtprogrammen so schnell und erfolgreich, daß bei diesem hohen Ertragsniveau heute kaum Interesse besteht, auf die bisher züchterisch wenig bearbeiteten GR zurückzugreifen. Verstärkt wird dies noch durch den z.Zt. stattfindenden Zusammenschluß vieler marktführender Zuchtfirmen und der gleichzeitig stattfindenden zunehmenden kommerziellen Bedeutung moderner biotechnologischer Verfahren für Maissaatgut.

Fast alle weltweit öffentlich verfügbaren GR wurden zwar seit über 50 J. systematisch gesammelt, konserviert und mit 'Passport'-Daten versehen, aber viel zu wenig in sogenannten 'Pre-Breeding'-Programmen auf bessere Wertigkeit für die Züchtung bearbeitet. Die zwingend notwendigen öffentlich geförderten multinationalen Projekte für 'Pre-Breeding' mit den vielen Tausenden von Genbankmustern sollten vor allem für die Maisanbaugebiete gestartet werden, die heute noch mit niedrigem Ertragsniveau (< 15 dt/ha) Mais kultivieren, was immerhin noch über 45 Mio ha in der Welt ausmacht. Mit über 70 000 Genbankmustern in Europa und noch weit mehr weltweit, gibt es zu viele Duplikationen, die diese Arbeit erschweren und teuer machen. Das Ziel muß sein, aus dieser großen Anzahl die wirklich divergenten Core-Kollektionen zu definieren, die dann einem systematischen 'Pre-Breeding' zugeführt werden sollten. Solche Arbeit muß von öffentlicher Seite aufgebaut und organisiert werden. Die private Züchtung kann dabei mithelfen.

Erfolgreiche Beispiele sind das CIMMYT in Mexico, das LAMP- GEM Projekt für Nord- und Südamerika und das RES GEN 88- EU Projekt zur Bewertung von Europäischen Landsorten. Gelingt es in absehbarer Zeit, aus der Vielzahl der weltweit verfügbaren GR von Mais die wirklich divergenten Core-Kollektionen zu identifizieren und gemeinsam über gezielte 'Pre-Breeding'-Methoden die Wertigkeit der GR für die bedürftigen Maisanbaugebiete der Welt zu definieren und danach über entsprechende

¹ Südwestdeutsche Saatzucht
Im Benschurst Nr. 2
76830 Lichtenau

Zuchtprogramme (wie sie heute am CIMMYT bestehen) wertvolle neue und bessere Linien/Sorten/Hybriden zu züchten, die dann auch noch über vitale Saatgut-erzeugungs- und -lieferungssysteme kontinuierlich diese Verbesserung auf die Felder der Landwirte bringen, die heute noch unter 15 dt/ha ernten, dann bestehen berechnete Chance mittel- und langfristig die GR zu nutzen.

In jedem Fall werden sich die morgen noch überlebenden privaten Maiszuchtfirmen aus allen verfügbaren Genquellen der Welt die wertvollen Eigenschaften (Gene und Genkomplexe) für ihre privaten Zuchtprogramme sichern und sie dort erfolgreich einsetzen, wo der Hybridsaatmarkt entsprechende Margen abwirft, was in jedem Fall in den USA und Europa gegeben ist.

Summary

First there is given a short description about what genetic resources for private maize breeding programs are. In order to describe how to use the genetic resources it is advisable to divide the maize growing area of the world in 2 major regions: 1.) the high yielding zones like Europe or USA and 2) the low yielding zones like most parts of Africa, Asia and the highlands of Central South America. For the high yielding zones of the world there have been well functioning private seed and breeding operations established long time ago and these are able to extract the useful genes from genetic resources by themselves if such genes are existing for the commercial use in the future.

For the low yielding zones there is an urgent need to develop more public funded projects to use genetic resources available much more than happen today and in the past. There are problems in the high number of duplications in all genebanks of the world. This can be reduced to more useful accessions by identification of the 'core collections' and start working more intensive pre-breeding work using public and private funded projects. Positive examples for such prebreeding work are the contribution of CIMMYT in Mexico, the LAMP-GEM project in the Americas and the RES GEN project in Europe funded by the EU.

All these prebreeding-projects can only be successful if there are breeding systems and seed production and seed distribution organizations in place to take up the results and develop seed of better hybrids or varieties to be delivered continuously to the farmers of the low yielding zones.

1 Was sind genetische Ressourcen für die private Maiszüchtung ?

Aus der Sicht privater Maiszüchtung sind genetische Ressourcen bei Mais wie folgt zu definieren

- a) Landsorten (züchterisch wenig bearbeitete Genbank-Akzessionen aus aller Welt
- b) Inzuchtlinien aus nicht adaptierten Maiszuchtprogrammen,
- c) 'Advanced Cultivars' (offen abgeblühte Zuchtsorten),

- d) 'Composite' Mischung von züchterisch verbessertem Zuchtmaterial mit gemeinsamen Merkmalseigenschaften
- e) 'Synthetic' Mischung von Inzuchtlinien für spezifische Ziele
- f) spaltende Populationen aus nicht adaptierten Zuchtprogrammen und
- g) maisverwandte Wildformen.

Jegliches verfügbare Zuchtmaterial aus den adaptierten Anbaugebieten der einzelnen Zuchtprogramme sollte heute Bestandteil einer privaten Maiszüchtung sein mit klarer Bewertung der kommerziellen Nutzbarkeit, und so gesehen sind sie nicht mehr Bestandteil von genetischen Ressourcen.

2 Wie kann die private Züchtung solche genetischen Ressourcen nutzen ?

Um eine klare Bewertung und Nutzung sinnvoll zu beschreiben, sollte man die Maisanbau-regionen der Welt zunächst in zwei große Bereiche aufteilen, die Hohertragsregionen mit voll funktionierendem privaten Saatgutmarkt und die Niedrigertragsregionen ohne gut funktionierenden Saatgutmarkt und mit extrem niedrigem Ertrag (unter 1,5 t/ha).

2.1 Nutzung GR für Hohertragsregionen

In diesen Bereich fallen fast alle Anbaugebiete in Europa, USA und Kanada, West- und Ost- Asien, Südafrika und Teile von Nordafrika (Tab. 1). Die Nutzung der Vielzahl der genetischen Ressourcen (im folgenden GR) für die private Maiszüchtung wird sich in Zukunft nur auf wenige Möglichkeiten beschränken, die zudem fast ausschließlich direkt von den privaten Zuchtfirmen innerhalb ihrer angewandten Züchtung stattfinden wird. Inwieweit diese Nutzung zum Zuchtfortschritt beitragen wird, läßt sich heute kaum voraussagen.

In Europa und den USA ist der Maisanbau mit über 70 Mio ha (45 Mio ha Körnermais, 25 Mio ha Silomais) der attraktivste Saatmaismarkt und demzufolge züchten alle namhaften Pflanzenzuchtfirmen der Welt mit höchster Intensität für diese Anbaugebiete. Als Folge davon haben wir heute ein hohes Leistungsniveau bei den angebauten Hybriden und dementsprechend ist das sich in privaten Händen befindende Zuchtmaterial auch auf allerhöchstem Niveau. Deshalb kann mit Fug und Recht gesagt werden, daß sich die einstmals auf den Feldern der Landwirte vorhandene genetische Variabilität von Mais in die Zuchtgärten der Züchter verlagert hat. Dadurch wird, in konzentrierter Form, ihre Erhaltung sichergestellt und das Material gleichzeitig ständig verbessert. Damit wird eine Generosion im Mais vermieden. Die Basis für diese Aussage ist die Tatsache von über 70 Jahren in den USA und über 30 Jahren in Europa stattfindender privater Maiszüchtung mit den dafür am besten adaptierten Genquellen, die ihren Ursprung aus den Genzentren von Mais in Mittel- und Südamerika haben. So gesehen sind die zuvor beschriebenen GR kaum rentabel, um sie in der privaten Züchtung zu nutzen, zumal die Mehrzahl der in Genbanken eingelagerten Mais-Akzessionen lediglich gesammelt und nicht systematisch auf ihre agronomische

Wertigkeit hin untersucht wurden.

Durch die z.Zt. stattfindenden multinationalen Zusammenschlüsse von großen Pflanzenzuchtunternehmen, in Verbindung mit dem zunehmenden kommerziellen Einsatz moderner Biotechnologie für die konventionelle Züchtung, werden die Verbesserungsschritte noch schneller sein. Durch die Möglichkeiten der Isolierung und Einlagerung einzelner wertvoller Gene, die sich in den GR befinden und für den Zuchtfortschritt Erfolge erwarten lassen, können dann auch wieder verstärkt die GR genutzt werden. Dieser gigantische Zusammenschluß der weltweit größten Maiszuchtunternehmen in Verbindung mit den veränderten Besitzverhältnissen (Kauf durch chem. Industrie) wird in naher Zukunft nur noch 6 bis 8 weltweit konkurrenzfähige Unternehmen in der Maissaatgutbranche übrig lassen, die eine solche Größe haben, die es jedem einzelnen gestattet, daß weltweit verfügbare Genmaterial von Mais auf kommerziell wertvolle Eigenschaften zu 'screenen' und diese dann über ihre internen Transformationsmechanismen in das eigene agronomisch hochwertige Zuchtmaterial einzulagern.

Die moderne Biotechnologie wird im wesentlichen über zwei Verfahren diesen Nutzen kommerziell sichtbar machen:

- 1) durch Einlagerung transgener Eigenschaften mit Fremdgenen z.B.: BT-Gene oder Herbizidtoleranzgene wie RR=**R**oundup **R**eady, LL=**L**iberty **L**ink.
- 2) mit Hilfe der markergestützten Selektion innerhalb des Mais-Genoms und den wohl bald erfolgreichen Transformationstechniken wird es viel schneller möglich sein, die Frequenz der positiven Gene zu steigern und damit auch die potentiell wertvollen Gene der exotischen Maisvarietäten (genetische Ressourcen) in moderne kommerzielle Inzuchtlinien einzulagern.

Diese Entwicklung wird dafür Sorge tragen, die weltweit verfügbare genetische Diversität bei Mais voll auszuschöpfen, aber nur für diesen gut funktionierenden Saatmaismarkt in den Hohertragsregionen der Welt. Für diese Hohertragsregionen mit Gewinn erwartenden Saatmaismärkten sind die GR im wesentlichen nur noch über solche hier beschriebenen Wege nutzbar.

2.2 Nutzung GR für Niedrigertragsregionen

Hierzu gehören fast 20 Mio. ha in Afrika, fast 20 Mio ha in Süd-Ost-Asien und Pazifik sowie über 10 Mio ha in Zentralamerika und die Andenzone Südamerikas (Tab. 1). Die wichtigste Aufgabe für die Nutzung GR bei Mais sollte daher für diese Regionen stattfinden, durch eine konzentrierte von öffentlicher Hand geleitete und finanziell geförderte 'Pre-Breeding'-Aktivität mit allen öffentlich verfügbaren Akzessionen oder Mustern von Mais-Sammlungen in der Welt für die Verbesserung der Ertragslage von Mais in den Niedrigertragsgebieten aus globaler Sicht. Unter 'Pre-Breeding' versteht man die züchterische Bearbeitung von Genmaterial zur deutlichen Verbesserung dessen Werteigenschaften, die aber noch weiterer Verbesserung bedürfen, um kommerziell nutzbare Hybriden/Sorten zu entwickeln.

Tab. 1: Körnermaisflächen und Erträge in der Welt 1993/94

Tab. 1: Maize Growing area and Grain yield in the world in 1993/94

Anbauregionen	Mill. ha.	t/ha.	MU*
Süd/Ostafrika	10	1,2	2 - 4
West- und Zentralafrika	6.5	1,0	2 + 3
Nordafrika	1.2	4,3	1 + 3
Republik Südafrika	3.3	2,8	1
Westasien	1.1	3,2	1
Südasiens	8.0	1,5	2 + 3
Süd/Ostasien-Pazifik	9.0	1,8	2 + 3
Ostasien	22	4,6	1
Mexiko, Zentralamerika, Karibik	9.3	1,9	2 - 4
Andenzone Südamerika südl. Südamerika	2.2	1,6 2,3	2 - 4 1 + 3
Osteuropa	15.2	3,5	1
Westeuropa	6.0	7,0	1
USA/CDN	31.0	7,5	1

*MU 1 = temperierte Zonen

2. = tropisches Tiefland

3. = subtropische (mid altitude) Zonen

4. = tropisches Hochland

Quelle: CIMMYT 1997

Von den über 140 Mio ha Körnermais werden heute auf über 45 Mio ha weniger als 15 dt/ha geerntet (Tab. 1). Hier müssen wir mit der Nutzbarmachung genetischer Ressourcen vordringlich ansetzen. Nur durch langfristig angelegte, gezielte internationale gemeinsame 'Pre-Breeding'-Projekte öffentlicher Einrichtungen (mit privater Hilfe) können wir gemeinsam einen Beitrag zur Verbesserung leisten. Fast alle Kollektionen, die weltweit seit über 50 J. systematisch zusammengetragen und konserviert wurden, sind nicht gleichzeitig auch nach ihrer Nutzungswertigkeit systematisch züchterisch bearbeitet worden, was nur durch ein kostenaufwendiges 'Pre-Breeding' hätte möglich gemacht werden können.

Die gesamte Maisanbaufläche in der Welt läßt sich aus züchterischer Sicht sinnvoll in 4 **Ma-kroumweltbereiche** einteilen:

1. Temperierte Zonen	> 70 Mio. ha KM* + ca. 30 Mio. ha SM**
2. Tropisches Tiefland	> 40 Mio.ha KM + ca. 5 Mio. ha SM
3. Subtropische (mid altitude) Zonen	> 20 Mio.ha KM + ca. 12 Mio. ha SM
4. Tropisches Hochland	ca. 8 Mio. ha KM + ca. 2 Mio. ha SM

* KM = Körnermais, **SM = Silomais

Quelle: CIMMYT 1997

Vor allem gibt es noch sehr große Anbaugelände in den Regionen 2 bis 4, wo die über 45 Mio ha Mais im niedrigen Ertragsbereich von unter 15 dt/ha, zum Teil noch unter 10 dt/ha. liegen. Für diese Gebiete können die GR natürlich wesentlich schneller zum Nutzen der dortigen Landwirtschaft beitragen, zumal sehr viele der Genbank-Kollektionen von den Feldern der dortigen Maisbauern stammen. Wir müssen nur baldmöglichst konzentrierte multinationale 'Pre-Breeding'-Projekte mit öffentlichen und privaten Mitteln starten mit all den bisher konservierten Kollektionen. Gleichzeitig sollten regionale Zuchtprogramme gefördert werden, die daraus verbesserte Sorten/Hybriden züchten können.

Eine wichtige Aufgabe, die zuvor noch gelöst werden muß, ist die Frage der Identifizierung von Core-Kollektionen. Mit über 70 000 Genbank-Mustern in Europa und noch weit mehr weltweit, gibt es zu viele Duplikationen, die diese Arbeit erschweren und teuer machen. Erstes Ziel muß daher sein, aus der großen Anzahl die wirklich divergenten und damit wertvollen Core-Kollektionen zu finden, die dann über systematischen Pre-Breeding-Projekte wertvolles genetisches Ausgangsmaterial für kommerzielle Züchtung bereitstellen.

All diese hier beschriebenen Verbesserungsvorschläge sind nutzlos, wenn nicht gleichzeitig auch die Frage der Saatguterzeugung mit besten Qualitäten geklärt und ein vitales Lieferungssystem von solch wertvollem Saatgut für den Anwender in den Niedrigertragszonen der Welt eingerichtet wird. Hier können nur private Systeme den nachhaltigen Erfolg gewähren. Dazu müssen aber die verbesserten Sorten/Hybriden vorhanden sein (signifikant besser als das eigene Saatgut des Landwirts), die privaten Saatguterzeugungs- und -Lieferungsfirmen auch durch entsprechende Margen überlebensfähig und die Mehrleistung der verbesserten Sorten nachhaltig so groß sein, daß der Landwirt dadurch Anreiz erhält, jährlich oder periodisch neues Saatgut zu kaufen und trotzdem einen deutlich höheren wirtschaftlichen Nutzen hat.

Unter diesen Zielvorgaben ließe sich durchaus ein rentables Saatgutversorgungssystem in diesen Niedrigertragsregionen nachhaltig aufbauen. Die Frage ist hier, ob sich die 6 bis 8 großen weltweit operierenden Maiszuchtunternehmen bereiterklären, diesen Teil zu übernehmen, wenn sich über öffentlich-private 'Pre-Breeding'-Systeme die Voraussetzungen für eine erfolgreiche Saatgutwirtschaft abzeichnen.

3 Beispiele für die Nutzung genetischer Ressourcen in öffentlich/privaten Forschungseinrichtungen

3.1 CIMMYT

Das wohl erfolgreichste Beispiel für die Nutzung GR bei Mais ist die Arbeit des Internationalen Mais- und Weizen-Forschungszentrums CIMMYT in Mexico. CIMMYT ist eines der internationalen Agrarforschungszentren der 'Consultative Group on International Agricultural Research' (CGIAR) mit weltweiter Finanzierung. CIMMYT ist ein aus der Arbeit der Rockefeller Foundation (USA) hervorgegangenes Institut, das seit 1966 systematisch die Nutzung GR bei Weizen und Mais betreibt und im einzelnen in 3 Phasen ihre Arbeit aufgebaut hat und heute erfolgreich fortsetzt: Sammlung von Maisrassen in Südamerika, der Karibik und in Zentralamerika, sowie Aufbau nationaler Agrarforschungseinrichtungen in Zentral- und Südamerika. Gleichzeitig Einrichtung einer Genbank für Mais und Entwicklung systematischer 'Pre-Breeding'-Methoden zur agronomischen Bewertung und Einordnung der gesammelten Kollektionen in Populationen und Pools für züchterische Verbesserungsprogramme, von 1967 bis 1985 intensivste 'Pre-Breeding'-Arbeit in den einzelnen nach Makroumwelten geordneten 'Pools' und 'Populationen' gemäß klassischer Zuchtmethoden und Entwicklung von neuen verbesserten 'Experimentalsorten' als Endergebnis einer kontinuierlichen Lieferung von verbessertem Genmaterial an nationale (öffentliche oder private) Forschungs- und Saatguterzeugungseinrichtungen mit dem Ziel, dadurch permanent den Zuchtfortschritt auch auf die Felder der Landwirte zu bringen.

Seit Mitte der 80er Jahre erfolgt ein zusätzlicher Aufbau einer gezielten Hybridzüchtung bei Mais, unter Ausnutzung der sehr wertvollen Zuchtpopulationen und Pools, sowie Beibehaltung der Genbank und deren Ausbau in Form einer speziellen Abteilung für Erhaltung und Management von natürlichen Ressourcen durch das 'The Wellhausen-Anderson Plant Genetic Resources Center' in Mexico.

Durch diese hier kurz beschriebene Darstellung wird deutlich, wie die genetischen Ressourcen bei Mais effektiv genutzt und der Zugang zum Anbau auf den Feldern der Landwirte ermöglicht wird. Gerade dieser Weg der Lieferung von verbessertem Saatgut an die Landwirte ist noch mit vielen Hindernissen bestückt, wo eine Gemeinschaft, wie die hier im Symposium, mithelfen kann diese zu beseitigen.

3.2 LAMP-GEM

Dieses Lateinamerikanische Maisprojekt von privaten und öffentlichen Einrichtungen 1986 von 12 Ländern Amerikas begonnene 'Pre-Breeding' Programm wurde in 5 Stufen verwirklicht: (1) Evaluierung von bestehenden Genbank-Kollektionen auf deren agronomische Wertigkeit in den zuvor eingeteilten 5 homologen Regionen (1= tropisches Tiefland; 2= subtropische (mid altitude) Bereiche; 3= Subtropisches Hochland 1900 - 2600m ü.NN; 4= Hochland >2600m ü. NN; 5= temperierte Regionen > 26° n. und s. Breite). (2) Die 20 % besten Muster wurden in mehrortigen Leistungsprüfungen weiter getestet und davon nur die 5 % besten selektiert für weitere Evaluierungen. (3) Austausch der besten Muster

Nutzung genetischer Ressourcen in der Maiszüchtung

innerhalb der gleichen homologen Region für weitere Selektionen und Testkreuzungen mit am besten geeigneten Testern. (4) Gemeinsames Durchführen von Leistungsprüfungen, um die allgemeine Kombinationsfähigkeit der besten Muster zu bestimmen. (5) Integration der, auf diese Weise selektierten Elite Zuchtmaterials für die einzelnen nationalen Zuchtprogramme.

Als Ergebnis befindet sich heute dieses Elitegenmaterial in vielen lateinamerikanischen Zuchtprogrammen. In den USA hat sich daraus das 'GEM' Projekt (Germplasm Enhancement Maize) fortentwickelt durch Zusammenarbeit von 19 öffentlichen und 21 privaten Maiszuchtfirmen. Ziel dabei ist es, Zuchtfortschritte zu erreichen und dabei gleichzeitig die genetische Diversität von Mais in den USA zu verbreitern.

3.3 RES-GEN 88

Dieses von der EU geförderte Projekt wird von INRA-Frankreich unter Beteiligung von Deutschland, Griechenland, Italien, Niederlande, Portugal und Spanien durchgeführt und hat zum Ziel die Gründung eines Netzwerkes zur Konservierung, Evaluierung und Nutzung europäischer Landrassen von Mais. Die Vorgehensweise erfolgt in 3 Schritten: Erfassung von vorhandenen Landrassen mit Erstellung einer gemeinsamen Datenbank für Passportdaten, morphologische und molekulare Merkmale. Erstellung einer europäischen Core-Kollektion aus allen vorhandenen Landrassen-Kollektionen auf der Basis agromorphologischer und molekularer Merkmale. Bewertung dieser Core-Kollektionen und Austausch zwischen den Ländern mit dem Zweck, genetisch wertvolle Ressourcen für die europäische Maiszüchtung bereitzustellen.

Untersuchungen zur Charakterisierung gelbmosaikresistenter Gersten mit Hilfe von Oligo- und PCR-Fingerprinting

Characterisation of barley genotypes resistant to barley yellow mosaic virus with oligo- and PCR-fingerprinting

ANDREA SCHIEMANN¹, WOLFGANG FRIEDT¹ UND FRANK ORDON¹

Zusammenfassung

Die Gelbmosaikvirose der Gerste - verursacht durch einen Erregerkomplex bestehend aus Barley Mild Mosaic Virus (BaMMV), Barley Yellow Mosaic Virus (BaYMV) und BaYMV-2 (HUTH UND ADAMS 1990, HUTH 1990) - stellt aufgrund einer ständigen Ausweitung der Befallsflächen sowie erheblicher Ertragsverluste ein beträchtliches Problem im europäischen Wintergerstenanbau dar. Aufgrund der vektoriiellen Übertragung durch den bodenbürtigen Pilz *Polymyxa graminis* ist eine chemische Bekämpfung aus ökologischen und ökonomischen Gesichtspunkten nicht vertretbar, so daß die einzige Möglichkeit einer Wintergerstenproduktion auf Befallsflächen im Anbau resistenter Sorten besteht. Die Resistenz aller bisher in der Bundesrepublik zugelassenen BaMMV/BaYMV-resistenten Sorten beruht mit Ausnahme der Sorte 'Tokio' auf einem einzigen rezessiven Resistenzgen (*ym4*), für welches inzwischen Isoenzym-, RFLP- und RAPD-Marker identifiziert wurden (LE GOUIS ET AL. 1995, GRANER UND BAUER 1993, ORDON ET AL. 1995). Dieses Resistenzgen ist jedoch gegen BaYMV-2 nicht wirksam (HUTH 1989). Von *ym4* divergente BaMMV-Resistenzgene konnten vor allem in ostasiatischen Gersten (*Hordeum vulgare* L., GÖTZ UND FRIEDT 1993, ORDON UND FRIEDT 1993) und in türkischen (ERDOGAN ET AL. 1993) sowie israelischen Herkünften (*Hordeum spontaneum* Koch) identifiziert werden. Isoenzym-Analysen zur Lokalisierung dieser divergenten Resistenzgene ergaben nur einen geringen Polymorphiegrad innerhalb der exotischen Resistenzträger sowie zu resistenten und anfälligen deutschen Sorten (LE GOUIS ET AL. 1995).

Von 15 getesteten Enzymsystemen (entsprechend 26 Loci) erwiesen sich 12 als monomorph und nur 3 als polymorph. Aus diesen Ergebnissen läßt sich somit der Schluß ziehen, daß sich die genetische Variation innerhalb verschiedener Gerstenherkünfte nur unzureichend mittels Isoenzymanalysen erfassen läßt. Um jedoch Anhaltspunkte über die genetische Ähnlichkeit zwischen diesen Gelbmosaikvirusresistenzträgern aus verschiedenen Herkunftsländern zu gewinnen, wurde in einem nächsten Schritt eine Charakterisierung mit Hilfe von Oligo-(JEFFREYS ET AL. 1985) und PCR (Polymerase Chain Reaction)-Fingerprinting (WILLIAMS ET AL. 1990) durchgeführt.

¹ Justus-Liebig-Universität
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung I
Ludwigstr. 23
35390 Giessen

Summary

Barley yellow mosaic disease - caused by a complex of at least three viruses, i.e. barley mild mosaic virus (BaMMV), barley yellow mosaic virus (BaYMV) and BaYMV-2 - has to be considered as one of the most important diseases of winter barley in Europe. Due to transmission by the soil-borne fungus *Polymyxa graminis* chemical measures against the disease avoiding yield losses are neither efficient nor acceptable for economical and ecological reasons. Therefore, breeding for resistance against these viruses is of special importance. In the frame of this work resistant exotic germplasm and adapted varieties have been characterized on the DNA-level using oligo- and PCR-fingerprinting. In contrast to isozyme electrophoresis a high degree of polymorphism between resistant germplasm and adapted cultivars was found on the DNA-level using oligo- and RAPD-fingerprinting. However due to the time consuming detection of fragments and the fact that only very few enzyme/probe combinations yielded informative fingerprints the use of oligo-fingerprinting for describing polymorphism in barley has to be considered as limited in comparison to RAPD-fingerprinting. By the use of only 20 RAPD primers corresponding to 544 different fragments resistant exotic varieties and German cultivars were correctly grouped according to their origin and known pedigree data using UPGMA clustering based on genetic similarity data. Similar results were obtained using principal coordinate analysis. Furthermore, it was shown in additional studies that the yield of exotic varieties under German growing conditions is highly correlated to their genetic similarity in comparison to adapted German cultivars, leading to the conclusion that germplasm being more closely related to German cultivars are better suited for a rapid introgression of different resistance genes.

1 Material und Methoden

Insgesamt 36 *H. vulgare*-Genotypen aus Deutschland, der ehemaligen Sowjetunion, Österreich, dem ehemaligen Jugoslawien, der Türkei, Bulgarien, den USA und Ostasien sowie 12 *H. spontaneum*-Herkünfte aus der Türkei und Israel wurden für die Untersuchungen herangezogen (Tab. 1).

Tab. 1: Herkunft, Zeiligkeit und Resistenzverhalten (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2) der analysierten Gerstenmuster (cf. GÖTZ UND FRIEDT 1993, ORDON ET AL. 1993, ERDOGAN ET AL. 1993)

Tab. 1: Origin, row number and resistance (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2) of the tested barley accessions

Sorte/Herkunft	Herkunft	Zeiligkeit	Resistenz gegen		
			BaMMV	BaYMV	BaYMV-2
<i>H. vulgare L.</i>					
Brunhild	Deutschland	6	r	r	s
Colambo	Deutschland	2	r	r	s
Jana	Deutschland	6	r	r	s
Labea	Deutschland	6	r	r	s
Ogra	Deutschland	6	r	r	s
Sonate	Deutschland	2	r	r	s
Alraune	Deutschland	2	s	s	s
Corona	Deutschland	6	s	s	s
Gerbel	Deutschland	6	s	s	s
Igri	Deutschland	2	s	s	s
Magie	Deutschland	2	s	s	s
Trixi	Deutschland	2	s	s	s
Anson Barley	USA	6	r	s	s
Bulgarian 347	Bulgarien	6	r	s	s
Krasnodar 1920	Jugoslawien (chem.)	6	r	s	s
Maksimirski 452	Jugoslawien (chem.)	6	r	s	s
Russia 32	UdSSR (ehem.)	6	r	r	s
Russia 57	UdSSR (ehem.)	2	r	r	r
Turkey 235	Türkei	6	r	s	s
9043	Österreich	6	r	r	-
9048	Österreich	6	r	r	-
10247	Jugoslawien (ehem.)	6	r	r	s
Chikurin Ibaraki 1	Japan	6	r	r	r
Ea 52	Japan	6	s	r	r
Iwate Omugi 1	Japan	6	r	r	s
Kanto Nijo 19	Japan	2	r	r	r
Mihori Hadaka 3	Japan	6	r	r	r
Misato Golden	Japan	2	r	r	r
Mokusekko 3	China	6	r	r	r
Muju covered 2	Korea	6	r	r	r
Namji Milyang Native	Korea	6	r	r	r
Ou 1	Japan	6	r	r	r
Resistant Ym No. 1	Japan	2	r	r	r
Rokkaku 1	Japan	6	r	r	r
Taihoku A	Korea	6	r	r	r
Zairai Rokkaku	Japan	6	r	r	r

Tab. 1: (Fortsetzung)

Sorte/Herkunft	Herkunft	Zeilig- keit	Resistenz gegen		
			BaMMV	BaYMV	BaYMV-2
<i>H. spontaneum</i> Koch					
09-01	Israel	2	r	s	s
09-09	Israel	2	r	s	s
09-H27	Israel	2	r	s	s
09-35	Israel	2	r	s	s
09-39	Israel	2	r	s	s
09-43	Israel	2	r	s	s
25-30	Israel	2	r	s	s
Candarli	Türkei	2	r	s	s
Icemeler	Türkei	2	r	r	r
Kupalan	Türkei	2	r	s	s
Menemen	Türkei	2	r	s	s
Pinarbasi	Türkei	2	r	r	r

r=resistent, s=anfällig, -=nicht getestet

1.1 Oligo-Fingerprinting

Für das Auffinden geeigneter Enzym/Sonden-Kombinationen wurden insgesamt 32 Restriktionsenzyme (*AluI*, *ApaI*, *BamHI*, *BclI*, *BglII*, *BscI*, *Bsh1236*, *Bsp143I*, *BstEII*, *BstOI*, *Bst98I*, *Cfr42I*, *DdeI*, *DraI*, *EcoRI*, *EcoRV*, *HaeIII*, *Hin6I*, *HindIII*, *HinfI*, *HpaII*, *Hsp92II*, *MboI*, *MspI*, *NdeII*, *PstI*, *RsaI*, *SallI*, *SstI*, *TaqI*, *TruI*, *XbaI*) und 13 Oligonukleotid-Sonden ((A)₂₀, (ACA)₆, (AGA)₆, (AATT)₅, (CAG)₆, (CAT)₆, (GACA)₄, (GAGA)₅, (GATA)₄, (GTG)₅, (GGAT)₄, (TAT)₆, (TATA)₅) getestet. Jeweils 10 µg genomische DNA wurden mit 30 Units Enzym über Nacht verdaut. Nach gelelektrophoretischer Auftrennung (0,8 %ige Agarose) wurden die Restriktionsfragmente mittels Southern-Transfer auf eine Nylonmembran übertragen und anschließend mit einer Oligo-nukleotid-Sonde hybridisiert. Die Detektion der Digoxigenin-markierten Sonden erfolgte immunologisch und mittels Chemilumineszenz.

1.2 PCR-Fingerprinting

Zur Ermittlung polymorpher Primer wurden 160 Decamer-Primer (Operon Technologies) an den Sorten 'Sonate' und 'Resistant Ym No. 1' getestet, von denen letztendlich 20 aufgrund polymorpher und distinkter Banden für das Fingerprinting der 48 Gerstenherkünfte ausgewählt wurden (Tab. 2). In einem Reaktionsvolumen von 25 µl wurden 25 ng genomische DNA, 0,24 µM Primer, 0,4 mM dNTPs, 6,0 mM MgCl₂ und 0,2 U Taq DNA-Polymerase (Red Gold Star, Eurogentec) eingesetzt. Nach

Überschichtung des PCR-Ansatzes mit Mineralöl wurde die Amplifikation in einem Perkin Elmer DNA Thermocycler 480 durchgeführt. Nach einer einmaligen 4-minütigen Denaturierung bei 94°C folgten 45 Zyklen mit einer Denaturierungsphase bei 94°C (1 Min.), einer Annealingphase bei 36°C (1 Min.) und einer Polymerisationsphase bei 72°C (2 Min.), welche nach jedem Zyklus jeweils um 3 Sec. verlängert wurde. Die entstehenden PCR-Produkte wurden in einem 2%igen Agarosegel (NuSieve, FMC) aufgetrennt und anschließend mit Ethidiumbromid angefärbt. Die Auswertung der Bandenmuster erfolgte mit Hilfe des Softwarepaketes RFLPscan 2.0. In paarweisen Vergleichen wurden Ähnlichkeitskoeffizienten nach NEI UND LI (1979) berechnet, die dann die Datengrundlage für eine anschließende UPGMA-Clusteranalyse, welche mit dem Programmpaket NTSYS-pc 1.7 durchgeführt wurde, und eine Hauptkoordinatenanalyse, welche mit Hilfe von SPSS-PC+5.0 gerechnet wurde, bildeten.

Tab. 2: Zur Charakterisierung der Gerstenmuster verwendete RAPD-Primer und deren Sequenz

Tab. 2: RAPD-Primer and their sequence used for characterisation of barley accessions

Primer	Sequenz 5'... 3'	Primer	Sequenz 5'... 3'
OPD-04	TCTGGTGAGG	OPL-01	GGCATGACCT
OPD-20	ACCCGGTCAC	OPL-06	GAGGGAAGAG
OPF-02	GAGGATCCCT	OPM-10	TCTGGCGCAC
OPF-05	CCGAATTCCC	OPM-13	GGTGGTCAAG
OPF-08	GGGATATCGG	OPN-01	CTCACGTTGG
OPJ-04	CCGAACACGG	OPN-02	ACCAGGGGCA
OPJ-10	AAGCCCGAGG	OPN-07	CAGCCCAGAG
OPJ-12	GTCCCGTGGT	OPN-13	AGCGTCACTC
OPK-08	GAACACTGGG	OPN-16	AAGCGACCTG
OPK-12	TGGCCCTCAC	OPS-01	CTACTGCGCT
OPK-17	CCCAGCTGTG	OPS-08	TTCAGGGTGG

2 Ergebnisse

2.1 Oligo-Fingerprinting

Von sämtlichen getesteten Enzym/Sonden-Kombinationen ließen sich lediglich mit den Restriktionsenzymen *AluI*, *HinfI* und *TruI* in Kombination mit der Sonde (GATA)₄ charakteristische Fingerprints erstellen, welche sich durch ein ausgesprochen komplexes Bandenmuster auszeichneten.

Es erwies sich als schwierig bei der softwaregestützten Auswertung mit RFLPscan die einzelnen Banden entsprechenden Fragmentgrößenklassen zuzuordnen. Aufgrund dieser Tatsache und der Gegebenheit, daß lediglich bei drei der getesteten Enzym/Sonden-Kombinationen deutliche Hybridisierungsmuster detektiert werden konnten und somit zuwenig auswertbare Daten vorlagen, wurde auf eine Charakterisierung der Verwandtschaftsbeziehungen mittels Oligo-Fingerprinting verzichtet.

2.2 PCR-Fingerprinting

Aussagekräftige PCR-Fingerprints von 48 Gerstenherkünften mit 20 verschiedenen RAPD-Primern konnten erstellt und zur Charakterisierung herangezogen werden. Die Abbildung 1 zeigt beispielhaft einen Fingerprint aller untersuchten Herkünfte unter Verwendung des Primers OPF-08. In die Auswertung gingen 544 Banden einer Größe von 280 bp bis 2691 bp ein. Die aus diesem Datensatz paarweise geschätzten genetischen Ähnlichkeiten lagen zwischen 68,5% ('09-09' versus 'Corona') und 96,4% ('09-39' versus '09-43'). Die Ähnlichkeitskoeffizienten der 12 deutschen Sorten variierten zwischen 83,0% und 94,5%. In der sich anschließenden UPGMA-Clusteranalyse wurden die untersuchten Genotypen in sieben Gruppen eingeteilt (Abb. 2). Zunächst einmal werden *H. spontaneum*-Herkünfte von *H. vulgare*-Genotypen getrennt. Innerhalb der *H. spontaneum*-Formen bilden die israelischen Resistenzträger ('09-01', '09-35', '09-39', '09-43', '09-09', '09-H27') ein Cluster, wobei die israelische Herkunft '25-30', welche aus einer anderen Region Israels (Atli) stammt (NEVO, pers. Mitt.), nicht in dieses Cluster eingeordnet wird, und die türkischen Herkünfte ('Candarli', 'Icemeler', 'Kupalan', 'Menemen', 'Pinarbasi') bilden ein weiteres. Innerhalb der analysierten *H. vulgare* Formen werden 11 Resistenzträger ('Chikurin Ibaraki 1', 'Ea 52', 'Muju covered 2', 'Namji Milyang Native', 'Rokkaku 1', 'Ou 1', 'Zairai Rokkaku', 'Taihoku A', 'Mihori Hadaka 3', 'Mokusekko 3', 'Iwate Omugi 1') aus dem ostasiatischen Raum zu einem Cluster zusammengefaßt. In diesem Cluster werden die Genotypen 'Chikurin Ibaraki 1' und 'Ea 52' zusammengruppiert. Dies reflektiert deutlich die genetischen Beziehungen zwischen diesen Mustern, da 'Ea 52' eine gammastrahleninduzierte Mutationslinie aus 'Chikurin Ibaraki 1' ist. Andererseits wird bei der Betrachtung der genetischen Ähnlichkeit dieser beiden Linien (0,908) jedoch deutlich, daß sich die Unterschiede nicht ausschließlich auf die Gelbmosaikvirusresistenz und die Frühreife beziehen (vgl. UKAI 1984), sondern durch die Mutationsauslösung erhebliche Veränderungen an der DNA aufgetreten sind. Die übrigen *H. vulgare* -Formen bilden ein großes Cluster, in welchem drei weitere Gruppen differenziert werden und das außerdem noch die Varietäten 'Russia 32', 'Russia57' und 'Anson Barley' beinhaltet, welche jedoch kein Cluster bilden. Eine der drei soeben angesprochenen Gruppen wird von den drei resistenten japanischen Braugersten 'Kanto Nijo 19', 'Misato Golden' und 'Resistant Ym No. 1' gebildet, die ihre Brauqualität von europäischen Sommergersten beziehen (MURAMATSU 1976, KOBAYASHI ET AL. 1987) und dementsprechend eine größere genetische Ähnlichkeit zu europäischen Genotypen aufweisen.

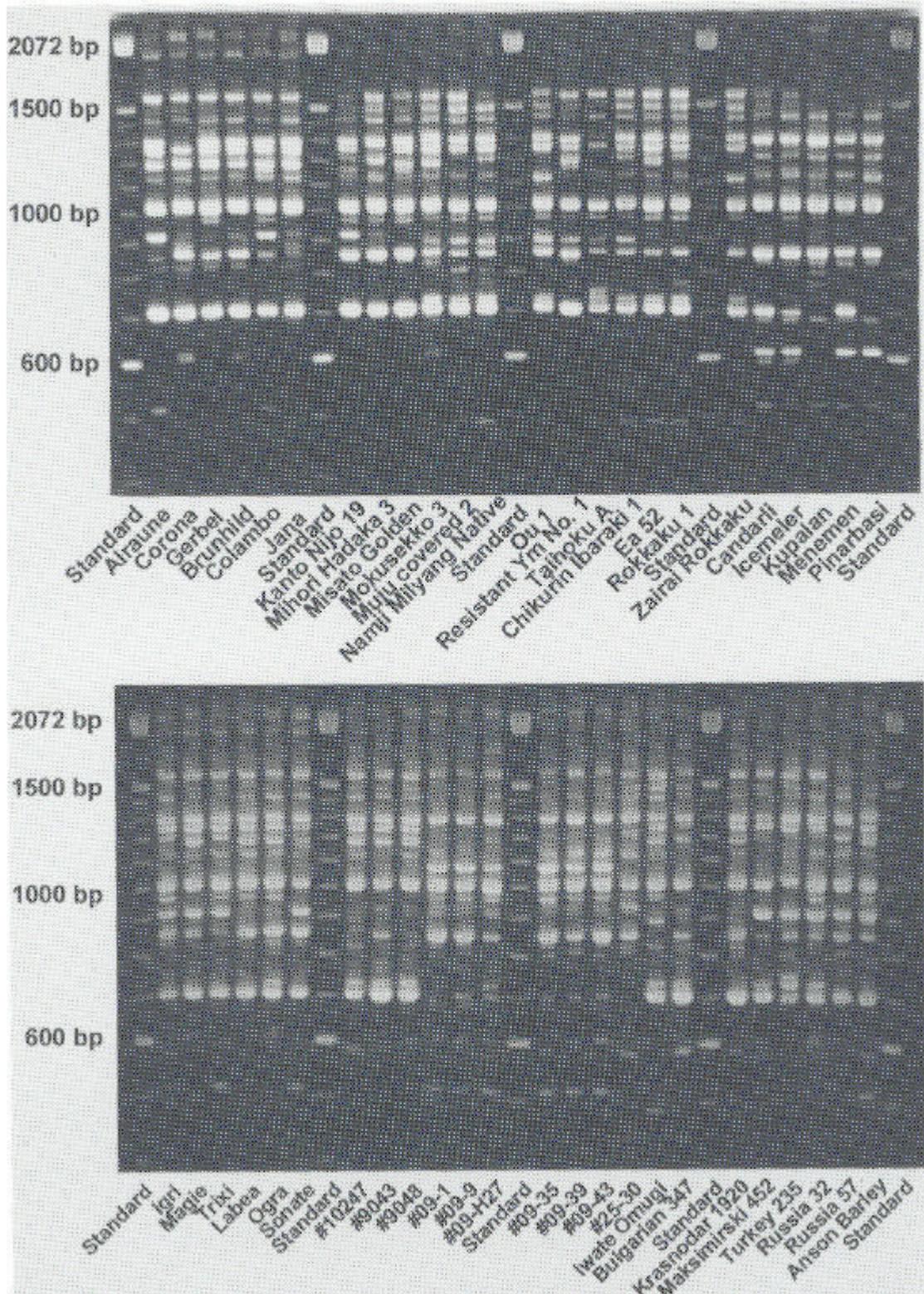


Abb. 1: PCR-Fingerprint von 48 Gerstenherkünften unter Verwendung des Primers OPF-08

Fig. 1: PCR fingerprint of 48 barley accessions using the primer OPF-08

Untersuchungen zur Charakterisierung gelbmosaikresistenter Gersten

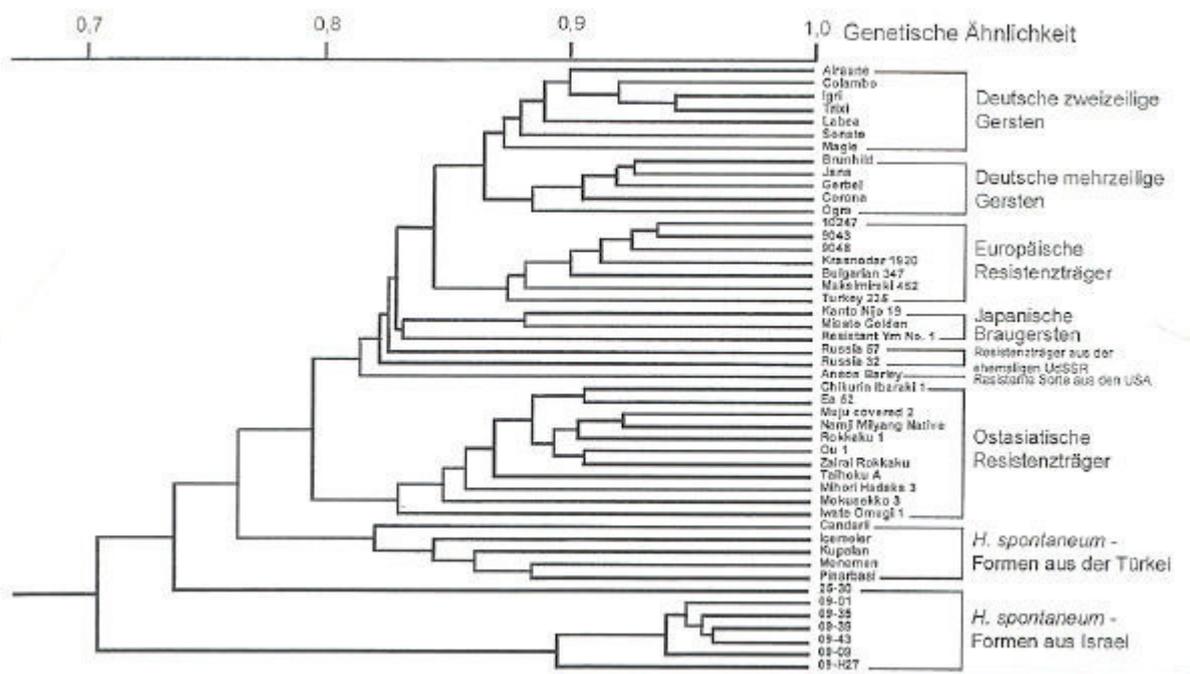


Abb. 2: Genetische Beziehungen zwischen Gersten-Varietäten (*H. vulgare*, *H. spontaneum*) mit differentiellen Reaktionen gegenüber gelbmosaikinduzierenden Viren (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2), basierend auf einer UPGMA-Clusteranalyse der genetischen Ähnlichkeit (NEI UND LI 1979), ermittelt anhand von 20 RAPD-Primern entsprechend 544 Banden

Fig. 2: Genetic relationships between barley accessions (*H. vulgare*, *H. spontaneum*) with different reaction to yellow mosaic viruses (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2), based on a UPGMA cluster analysis of genetic similarity data (NEI UND LI 1979) using 20 RAPD primers corresponding to 544 fragments

Gefolgt wird dieses Cluster entsprechend von einer Gruppe von Resistenzträgern aus dem osteuropäischen Raum ('9043', '9048', 'Krasnodar 1920', 'Maksimirski 452' 'Turkey 235', 'Bulgarian 347'), an welches sich die deutschen Sorten anschließen. Innerhalb der deutschen Sorten werden nochmals die zweizeiligen ('Alraune', 'Colambo', 'Trixi', 'Igrl', 'Labea', 'Sonate', 'Magie') und die mehrzeiligen Sorten ('Brunhild', 'Jana', 'Gerbel', 'Corona', 'Ogra') differenziert. Bemerkenswert ist hier, daß die Sorten 'Igrl' und 'Trixi', die ein sehr ähnliches Pedigree aufweisen (FISCHBECK 1992), nebeneinander stehen und den größten Ähnlichkeitskoeffizienten (0,94) innerhalb der deutschen Sorten besitzen. Es bleibt festzuhalten, daß in dem Dendrogramm sämtliche 48 Gerstenherkünfte ohne Ausnahme entsprechend ihrer regionalen Herkunft klassifiziert werden.

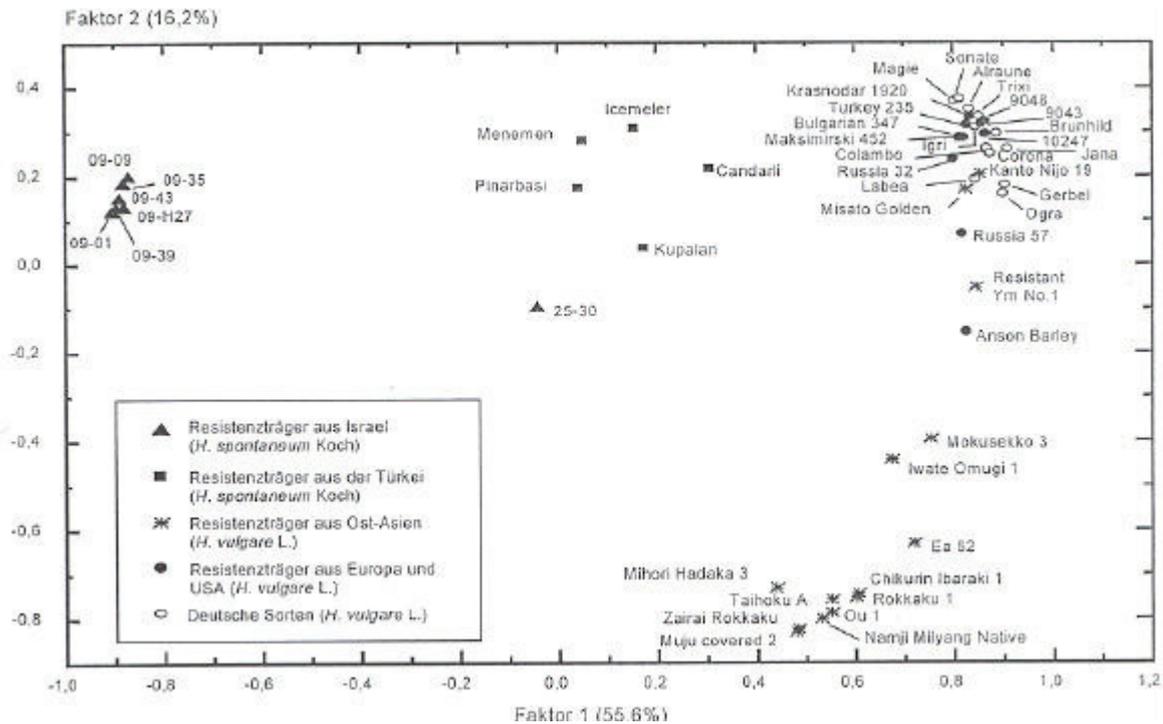


Abb. 3: Genetische Beziehungen zwischen Gersten-Varietäten (*H. vulgare*, *H. spontaneum*) mit differentiellen Reaktionen gegenüber gelbmosaikinduzierenden Viren (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2), basierend auf einer Hauptkoordinatenanalyse der genetischen Ähnlichkeit (NEI UND LI 1979), ermittelt anhand von 20 RAPD-Primern entsprechend 544 Banden

Fig. 3: Genetic relationship between barley varieties (*H. vulgare*, *H. spontaneum*) with different reaction to yellow mosaic viruses (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2), based on a principal coordinates analysis of genetic similarity data (NEI UND LI 1979) using 20 RAPD primers corresponding to 544 fragments

Eine weitere Möglichkeit zur Darstellung der Verwandtschaftsbeziehungen bietet die Hauptkoordinatenanalyse (Abb. 3). Bei der entsprechenden graphischen Darstellung in Form eines zweidimensionalen Faktorplots trennt Faktor 1, der 55,6% der Gesamtvariation erklärt, die israelischen von den türkischen *H. spontaneum*-Genotypen und den übrigen *H. vulgare*-Herkünften, und Faktor 2, der 16,2% der Variation erklärt, trennt die ostasiatischen Resistenzträger von den übrigen Varietäten. Die deutschen Sorten bilden zusammen mit den übrigen europäischen Resistenzträgern eine große Gruppe. Die bereits erwähnten japanischen Braugerstensorten 'Resistant Ym No. 1', 'Kanto Nijo 19' und 'Misato Golden', sind auch hier näher zum europäischen als zum ostasiatischen Genpool gruppiert. Im wesentlichen unterstützt somit die Hauptkomponentenanalyse die Ergebnisse der Clusteranalyse, wobei in dem Dendrogramm die Klassifizierung der einzelnen Genotypen detaillierter erfolgt.

3 Diskussion

Grundsätzlich ist die Erstellung informativer Oligo-Fingerprints bei der Gerste möglich. Um diese Methode jedoch für aussagekräftige Verwandtschaftsanalysen einsetzen zu können, wie DEHMER UND FRIEDT (1994) es für die Sonnenblume durchgeführt haben, sind aufgrund der vorliegenden Ergebnisse ein hoher Arbeits- und Zeitaufwand sowie weitere methodische Verbesserungen nötig. Im Gegensatz dazu zeigen die vorliegenden Untersuchungen, daß mit Hilfe von PCR-Fingerprinting die Charakterisierung und Klassifizierung von 48 Gerstenherkünften ohne Ausnahme entsprechend ihrer regionalen Herkunft möglich ist. Mit dem PCR-Fingerprinting steht der Pflanzenzüchtung damit eine ausgezeichnete Methode zur Beschreibung der genetischen Variation auf DNA-Ebene zur Verfügung, welche verglichen mit dem Oligo-Fingerprinting als das effizientere Verfahren zu betrachten ist.

Neben der Aufklärung der Verwandtschaftsbeziehungen können die vorliegenden Ergebnisse einen Hinweis auf die Erfolgsaussichten für eine beschleunigte Kombination divergenter Resistenzgene mit guten Leistungseigenschaften geben, denn generell ist davon auszugehen, daß dies um so effizienter möglich sein sollte, je näher verwandt die exotischen Resistenzträger mit adaptiertem Material sind. Belegt wird diese Annahme durch eine hochsignifikante Korrelation ($r=0,869$, $R^2=0,755$) zwischen der genetischen Ähnlichkeit exotischer Resistenzträger im Vergleich zur adaptierten Sorte 'Corona' und der Korntragsleistung unter hiesigen Bedingungen (ORDON ET AL. 1997a). Darüber hinaus gewinnt die RAPD-PCR zunehmend Bedeutung in der markergestützten Selektion auf Gelbmosaikvirusresistenz (ORDON ET AL. 1995, SCHIEMANN ET AL. 1997, BAUER ET AL. 1997). Die Identifikation weiterer RAPD-Marker für divergente Resistenzgene aus oben genannten Gersten, welche letztendlich eine effektive markergestützte Selektion und Kombination verschiedener Resistenzgene erlauben, ist Gegenstand weiterer Untersuchungen. In diesem Zusammenhang konnte bereits ein eng gekoppelter RAPD-Marker (OP-C04) für das Resistenzgen *ym9* aus der Herkunft 'Bulgarian 347' identifiziert werden (ORDON ET AL. 1997b).

4 Literatur

- BAUER E., J. WEYEN, A. SCHIEMANN, A. GRANER AND F. ORDON (1997): Molecular mapping of novel resistance genes against barley mild mosaic virus (BaMMV). Theor. Appl. Genet. (im Druck).
- DEHMER, K.J. UND W. FRIEDT (1994): Einsatz von DNA-Fingerprints zur Charakterisierung von Verwandtschaftsverhältnissen in der Gattung *Helianthus*. Vortr. Pflanzenzüchtg. **28**, 238-240.
- ERDOGAN, M., F. ORDON AND W. FRIED (1993): Genetics of resistance of *Hordeum spontaneum* Koch from Turkey to the barley yellow mosaic virus complex. Barley Genet. Newslett. **23**, 41-43.
- FISCHBECK, G. (1992): Barley cultivar development in Europe - success in the past and possible changes in the future. Proc. 6th Int. Barley Genet. Symp., Helsingborg, Schweden. Barley Genetics **VI**, 885-901.

- GÖTZ, R. AND W. FRIEDT (1993): Resistance to the barley yellow mosaic virus complex – Differential genotypic reactions and genetics of BaMMV-resistance of barley (*Hordeum vulgare* L.). Plant Breeding **111**, 125-131.
- GRANER, A. AND E. BAUER (1993): RFLP mapping of the *ym4* virus resistance gene in barley. Theor. Appl. Genet. **86**, 689-693.
- HUTH, W. (1989): Ein weiterer Stamm des Barley yellow mosaic virus (BaYMV) gefunden. Nachrichtenbl. Deut. Pflanzenschutzd. **41**, 6-7.
- HUTH, W. (1990): The yellow mosaic inducing viruses of barley in Germany. Proc. 1st Symp. Intern. Working Group Plant Viruses with Fungal Vectors, 113-115. Braunschweig, Germany, August 21-24, 1990.
- HUTH, W. AND M.J. ADAMS (1990): Barley yellow mosaic virus (BaYMV) and BaYMV-M: two different viruses. Intervirology **31**, 38-42.
- JEFFREYS, A.J., V. WILSON AND L. THEIN (1985): Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. Nature **316**, 76-79.
- KOBAYASHI, S., H. YOSHIDA AND S. SOUTUME (1987): Breeding for resistance to yellow mosaic disease in malting barley. Barley Genetics **V**, Proc. 5th Int. Barley Genet. Symp., Okayama, Japan, 667-672.
- LE GOUIS, J., M. ERDOGAN, W. FRIEDT AND F. ORDON (1995): Potential and limitations of isozymes for chromosomal localization of resistance genes against barley mild mosaic virus (BaMMV). Euphytica **82**, 25-30.
- MURAMATSU, M. (1976): Breeding of malting barley which is resistant to barley yellow mosaic viruses. Barley Genetics III, Proc. 3rd Int. Barley Genet. Symp., Garching, Germany, 476-485.
- NEI, M. AND W.H. LI (1979): Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci. USA **76**, 5269-5273.
- ORDON, F. AND W. FRIEDT (1993): Mode of inheritance and genetic diversity of BaMMV resistance of exotic barley germplasms carrying genes different from '*ym4*'. Theor. Appl. Genet. **86**, 229-233.
- ORDON, F., R. GÖTZ AND W. FRIEDT (1993): Genetic stocks resistant to barley yellow mosaic viruses. Barley Genet. Newslett. **23**, 44-48.
- ORDON, F., E. BAUER, W. FRIEDT AND A. GRANER (1995): Markerbased selection for the *ym4* BaMMV-resistance gene in barley using RAPDs. Agronomie **15**: 481-485.
- ORDON, F., A. SCHIEMANN AND W. FRIEDT (1997a): Assessment of the relatedness of barley accessions (*H. vulgare* s.l.) resistant to soil-borne mosaic inducing viruses (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2) using RAPDs. Theor. Appl. Genet. **94**, 325-330.
- ORDON, F., J. WEYEN, A. SCHIEMANN, B. PELLIO, E. BAUER, A. GRANER AND W. FRIEDT (1997b): RAPD-based selection in breeding for resistance against soil-borne viruses in barley. Proc. EUCARPIA meeting, Cereal Section 'Application of marker aided selection in cereal breeding programmes, Tulln, 22-23.9.1997, 26-27.
- SCHIEMANN, A., A. GRANER, W. FRIEDT AND F. ORDON (1997): Specificity enhancement of a RAPD marker linked to the BaMMV/BaYMV resistance gene *ym4* by randomly added bases. Barley Genet. Newsletter **27**, 63-65.

Untersuchungen zur Charakterisierung gelbmosaikresistenter Gersten

UKAI, Y. (1984): Genetic analysis of a mutant resistant to barley yellow mosaic virus. *Barley Genet. Newslett.* **14**, 31-33.

WILLIAMS, J.G.K., A.R. KUBELIK, K.J. LIVAK, J.A. RAFALSKI AND S.V. TINGEY (1990): DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* **18**, 6531-6535.

Weite Kreuzungen der einheimischen Getreide mit Arten der *Panicoideae* zur Erschließung genetischer Ressourcen

Wide hybridization of indigenous cereals with species of Panicoideae for exploitation of genetic resources

PIA ALTENHOFER¹ UND FRITZ MATZK¹

Zusammenfassung

Über weite Hybridisierungen kann die genetische Variabilität innerhalb von Kulturpflanzen erweitert werden. Durch generative Kreuzungen heimischer Getreide mit Arten der Unterfamilie der *Panicoideae* sollten Hybriden, Rekombinationslinien oder aber Haploide erzeugt werden. Als Sameneneltern dienten die Arten *Aegilops geniculata*, *Ae. kotschyi*, *Ae. longissima*, *Ae. triaristata*, *Avena sativa*, *Hordeum vulgare*, *Secale cereale*, *Triticum aestivum*, *T. dicoccon*, *T. durum* and *T. monococcum*, und als Polleneltern wurden *Pennisetum americanum*, *P. purpureum*, *Sorghum bicolor*, *S. halepense*, *Tripsacum dactyloides*, *Zea mays*, *Z. mexicana* and *Z. perennis* verwendet. Die Übertragung folgender Merkmale der *Panicoideae* in unsere Getreide wäre wünschenswert: C₄-Metabolismus (alle Bestäuberarten), Trockenheitsresistenz (*P. americanum*, *S. bicolor*, *S. halepense*, *T. dactyloides*), Transposons ('mutator'-Linien von *Z. mays*) und Apomixis (*T. dactyloides*).

Folgende Prüffaktoren wurden berücksichtigt: die Embryofrequenz sowie die Regeneration und Analyse der Nachkommen; die Differenzen in der Kreuzbarkeit bei Verwendung von nahe verwandten diploiden und allopolyploiden Sameneneltern von *Aegilops* und *Triticum*; der Einfluß unterschiedlicher Genomrelationen zwischen mütterlichen und väterlichen Partnern durch Verwendung diploider und artifizierender autotetraploider Gersten-, Roggen- und Maislinien sowie der Einfluß des Genotyps auf den Kreuzungserfolg. Die Identifizierung der Genomzusammensetzung bei den Kreuzungsnachkommen erfolgte mittels genomischer *In-situ*-Hybridisierung.

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

Summary

Aegilops geniculata, *Ae. kotschyi*, *Ae. longissima*, *Ae. triaristata*, *Avena sativa*, *Hordeum vulgare*, *Secale cereale*, *Triticum aestivum*, *T. dicoccon*, *T. durum* and *T. monococcum* were used as female parents, and *Pennisetum americanum*, *P. purpureum*, *Sorghum bicolor*, *S. halepense*, *Tripsacum dactyloides*, *Zea mays*, *Z. mexicana* and *Z. perennis* were the pollen parents. *Aegilops*, barley, rye and wheat were characterized by complete elimination of the genome of the pollinator species during embryo development. The efficiency of haploid production via wide hybridization was high in wheat and *Aegilops*. Embryo frequencies were higher in allohexaploid species than in autotetraploid or diploid seed parents. Chromosome elimination was incomplete in oat. Up to eight chromosomes of the pollen parent could be identified by genomic *in-situ* hybridization in root tip cells of cross progenies with *P. americanum*, *T. dactyloides* and *Z. mays*. Chromosomes of the pollinator genome passed also the meiosis. An approach to transfer apomixis, transposable elements, drought resistance or C₄-metabolism is in progress.

1 Ergebnisse

Die Kreuzungsergebnisse sind in Tabelle 1 zusammengefaßt.

2 Schlußfolgerungen

Auxinbehandlungen waren in vielen Fällen ausschlaggebend für den Kreuzungserfolg. Die Kreuzbarkeit der allopolyploiden Sameneltern lag deutlich höher als die der diploiden und autotetraploiden Arten (*T. aestivum*, *A. sativa*, *Ae. triaristata* > *T. durum*, *Ae. kotschyi* > *H. vulgare*, *S. cereale*, *T. monococcum*, *Ae. longissima*). Die Kreuzungsergebnisse variierten signifikant zwischen den Genotypen einer Art. In Kreuzungen mit Weizen, Gerste, Roggen und *Aegilops* wurden die Chromosomen der Bestäuberarten schnell und vollzählig eliminiert. Die Produktion von „Hapliden“, war bei Weizen und *Aegilops* mit hoher Effizienz möglich. Bei Kreuzungen mit Hafer erfolgte eine späte und unvollständige Eliminierung der Chromosomen der Bestäuberart. Insgesamt 11 Hybridpflanzen mit 1 bis 8 Chromosomen von *Z. mays*, *T. dactyloides* oder *P. americanum* konnten neben 9 „haploiden“, Haferpflanzen erzeugt werden. Die Chromosomen der Bestäuberart wurden über die Meiose weitergegeben. Ein direkter Transfer von Chromosomen bzw. Merkmalen wie Trockenheitsresistenz, C₄-Metabolismus, Transposons oder Apomixis der *Panicoideae* in Hafer mittels generativer Hybridisierung *in vivo* erscheint möglich.

Die Arbeiten wurden z. T. im Rahmen eines Forschungsprojektes vom Land Sachsen-Anhalt finanziert.

Tab. 1: Kreuzungsergebnisse zwischen Arten der *Pooideae* und *Panicoideae* (Embryorate (+): sporadische Embryobildung, +: ≤ 5%, ++: 6 bis 20%, +++: 21 bis 40%)

Tab. 1: Results of crosses between species of pooidae and panicodeae (embryo rate (+): sporadic creation of embryos, +: ≤ 5%, ++: 6-20%, +++: 21-40%)

Sameneltern	Polleneltern	Embryorate	Anz. Pfl.	Pflanzentyp
<i>A. sativa</i> (6x)	<i>P. americanum</i>	+ bis +++	7	5 Hybride, 2 Haploide
	<i>P. purpureum</i>	+	0	
	<i>S. halepense</i>	+	0	
	<i>T. dactyloides</i>	+	4	1 Hybride, 3 Haploide
	<i>Z. mays</i> (2x)	+ bis +++	9	5 Hybride, 4 Haploide
	<i>Z. mays</i> (4x)	+	0	
	<i>Z. mexicana</i>	+	0	
<i>T. aestivum</i> (6x)	<i>P. americanum</i>	++ bis +++	>100	Haploide
	<i>P. purpureum</i>	++	2	Haploide
	<i>S. bicolor</i>	+ bis ++	9	Haploide
	<i>S. halepense</i>	+ bis +++	4	Haploide
	<i>T. dactyloides</i>	+ bis +++	>100	Haploide
	<i>Z. mays</i> (2x)	++ bis +++	>400	Haploide
	<i>Z. mays</i> (4x)	+	2	Haploide
<i>Z. perennis</i>	+	6	Haploide	
<i>T. durum/</i> <i>dicoccon</i> (4x)	<i>P. americanum</i>	+	0	
	<i>T. dactyloides</i>	+	0	
	<i>Z. mays</i> (2x)	+	2	Haploide
	<i>Z. mays</i> (4x)	+	0	
<i>T. monococcum</i> (2x)	<i>P. americanum</i>	(+)	0	
	<i>T. dactyloides</i>	0	0	
	<i>Z. mays</i> (2x)	+		
	<i>Z. mays</i> (4x)	(+)	0	
<i>Ae. triaristata</i> (6x)	<i>P. americanum</i>	++	5	Haploide
	<i>T. dactyloides</i>	++	2	Haploide
<i>Ae. geniculata</i> (6x)	<i>P. americanum</i>	++	1	Haploide
	<i>T. dactyloides</i>	++	1	Haploide
	<i>Z. mays</i> (2x)	+	0	
<i>Ae. kotschyi</i> (4x)	<i>P. americanum</i>	+	3	Haploide
	<i>T. dactyloides</i>	0		
<i>Ae. longissima</i> (2x)	<i>P. americanum</i>	0		
	<i>T. dactyloides</i>	0		
	<i>Z. mays</i> (2x)	(+)	0	
<i>H. vulgare</i> (2x, 4x)	<i>P. americanum</i>	0		
	<i>P. purpureum</i>	0		
	<i>T. dactyloides</i>	+	1	Haploide
	<i>Z. mays</i> (2x)	+	8	Haploide
	<i>Z. mays</i> (4x)	0		
<i>S. cereale</i> (2x, 4x)	<i>P. americanum</i>	0		
	<i>T. dactyloides</i>	0		
	<i>Z. mays</i> (2x)	+	2	Haploide

Interspezifische Hybriden als Resistenzquelle für die Sonnenblumenzüchtung

Interspecific hybrids as source of resistance in sunflower breeding

JOACHIM DEGENER¹, A. E. MELCHINGER¹ UND V. HAHN²

Summary

Fungi-pathogens as *Sclerotinia sclerotiorum* and *Phomopsis helianthi* are still a limiting factor to high productivity in sunflower-growing countries. Cultivated sunflower lacks acceptable levels of resistance for these diseases. Wild species have been the source of genes for disease resistance. So interspecific hybridization has become important as a means of introducing genetic variability into the cultivated sunflower. 34 different lines derived from interspecific crosses were infected over two years with mycelium of *Sclerotinia* and *Phomopsis* to screen their susceptibility to both pathogens. Several lines more tolerant than the cultivated sunflower HA89 could be detected. Lines derived from interspecific crosses with *H. argophyllus*, *H. praecox subsp. runyonii*, *H. tuberosus* and *H. paradoxus* were less susceptible to *Sclerotinia* as well as to *Phomopsis*.

1 Einleitung

Die Sonnenblume *Helianthus annuus* wird unter mitteleuropäischen Klimabedingungen von mehreren Krankheitserregern befallen. Die Schadpilze *Sclerotinia sclerotiorum* und *Phomopsis helianthi* zählen zu den wirtschaftlich bedeutendsten Erregern im Sonnenblumenanbau. Vor allem gegen *Sclerotinia* bietet die Kultursonnenblume bisher keine ausreichende Resistenz (MAŠIREVIC UND GULYA 1992).

Verschiedene Wildarten der Gattung *H. annuus* gelten als Genreservoir für mögliche Resistenzen gegen pilzliche Erreger (FRIEDT 1993, SKORIC 1985). Über interspezifische Kreuzungen können diese in die Kultursonnenblume eingebracht werden (SEILER 1992). 34 unterschiedliche interspezifische Hybriden

¹ Landessaatzuchtanstalt
Versuchsstation Eckartsweier
Waldhof 2
77731 Willstätt

² Universität Hohenheim
Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung
und Populationsgenetik (350)
70593 Stuttgart

wurden in einem zweijährigen Feldtest bei künstlicher Infektion mit beiden Schadpilzen auf ihre Anfälligkeit und Nutzen für die praktische Züchtung untersucht.

2 Material und Methoden

Zur Erzeugung der interspezifischen Hybriden diente ein breites Spektrum an *Helianthus*-Wildarten, deren Kreuzungsmutter jeweils HA89 cms war. Nach anschließender Selbstung oder Rückkreuzung mit der Kultursonnenblume lagen sie in Form von Linien vor. Diese Linien wurden von der Universität Gießen und dem USDA-Agricultural Research Service-Northern Crop Science Laboratory, Fargo (USA), zur Verfügung gestellt.

34 interspezifische Hybriden sowie die Kultursonnenblume HA89 wurden 1996 und 1997 in Eckartswieher mittels künstlicher Infektion auf ihre Anfälligkeit gegenüber *Sclerotinia* und *Phomopsis* geprüft. Als Infektionsmethode diente der Blatt-Test. Dabei wird Mycel auf die Blattspitze der Pflanzen auf dem Feld aufgebracht (BERTRAND ET AL. 1987).

Die Anfälligkeit der interspezifischen Hybriden wurde für *Sclerotinia* festgehalten als

GS = Wachstumsgeschwindigkeit des Pilzes im Blatt, gemessen in cm/Tag (cm/d)

Stls = Läsionslänge des Pilzes im Stengel, gemessen in cm

Bef = Anteil der Pflanzen, die einen Stengelbefall aufwiesen (%)

Als Merkmale für die Anfälligkeit gegenüber *Phomopsis* dienten

Stl = Inkubationszeit des Pilzes im Blattstiel, gemessen in Tagen (d)

Stls = Läsionslänge des Pilzes im Stengel, dargestellt anhand einer Skala von 1 bis 9, wobei 1 = 0 cm, 9 = 50 cm

Bef = Anteil der Pflanzen, die einen Stengelbefall aufwiesen (%)

3 Ergebnisse und Diskussion

Linien aus Artkreuzungen mit *H. tuberosus*, *H. argophyllus*, *H. paradoxus* und *H. praecox subsp. runyonii* reagierten im Mittel toleranter auf eine künstliche *Sclerotinia*-Blattinfektion als die Kultursonnenblume HA89. Bezüglich *Phomopsis helianthi* zeichneten sich Linien aus Artkreuzungen mit *H. xlaetiflorus*, *H. argophyllus*, *H. deserticola*, *H. praecox subsp. runyonii*, *H. tuberosus*, *H. paradoxus*, *H. hirsutus*, *H. annuus* sowie *H. giganteus* als im Mittel geringer anfällig als die Kultursonnenblume HA89 aus. Es sind besonders die Linien hervorzuheben, die sowohl gegen *Sclerotinia* als auch gegen *Phomopsis* tolerant reagierten. Es handelt sich hierbei um Linien aus Artkreuzungen mit *H. argophyllus*, *H. praecox subsp. runyonii*, *H. tuberosus*, sowie *H. paradoxus*.

Die vorliegenden Ergebnisse stehen im Einklang mit vorausgegangenen Studien. SEILER ET AL. (1993) beschreiben Linien aus Kreuzungen mit *H. praecox ssp. runyonii* und *H. paradoxus* als Resistenzträger gegen natürlichen Befall mit *Sclerotinia*. *H. tuberosus* wird ebenso als mögliche Resistenzquelle gegen *Sclerotinia* angesehen. Resistenzgene gegen *Phomopsis* beschreibt SEILER (1992) u. a. für *H. annuus*, *H. argophyllus*, *H. hirsutus* und *H. tuberosus*. MAŠIREVIC UND GULYA (1992) geben darüber hinaus *H. giganteus* als zufriedenstellend tolerant gegen *Phomopsis* aus.

Die Nachkommen einiger Wildarten divergieren bezüglich ihres Resistenzverhaltens stark. So wiesen z. B. Nachkommen der Kreuzung HA89 x *H. tuberosus*-5 in der Linie 22 über alle Merkmale die geringste Anfälligkeit gegenüber *Sclerotinia* auf, in der Linie 23 jedoch die höchste. KÖHLER (1997) sowie HAMMANN ET AL. (1994) stellten ein ähnlich variierendes Resistenzverhalten bei interspezifischen Hybriden aus *H. mollis* fest. Jede Linie einer Kreuzungskombination muß daher einzeln geprüft werden, bevor eine generelle Aussage über ihr Resistenzverhalten gemacht werden kann.

Die vorliegenden Ergebnisse zeigen deutlich, daß interspezifische Hybriden Resistenzen besitzen, die für die praktische Sonnenblumenzüchtung von großem Nutzen sind.

4 Danksagung

Besonderer Dank gilt dem Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenbau I der Universität Gießen, sowie dem USDA-Agricultural Research Service-Northern Crop Science Laboratory in Fargo (USA) zur Bereitstellung der interspezifischen Hybriden. Die Arbeit wurde finanziert vom Ministerium für Wissenschaft, Forschung und Kunst des Landes Baden-Württemberg und der Gesellschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP).

5 Literatur

- BERTRAND, F. UND D. TOURVIEILLE DE LABROUHE (1987): *Phomopsis* tournesol: Tests de sélection. Inform. Tech. CETIOM, **98**, 12-18.
- FRIEDT, W. (1993): Breeding for sunflower after the year 2000. In: Proc. of the 2nd Europ. Symp. Sunflower Biotechnology, Albena, Bulgarien.
- HAMMAN T., H. KÖHLER UND W. FRIEDT (1994): Interspezifische Kreuzungen als Basis für die Züchtung der Sonnenblume (*Helianthus annuus* L.) auf Krankheitsresistenz. Vortr. Pflanzenzüchtung, **30**, 151-157.
- KÖHLER, H. (1997): Molekularbiologische Charakterisierung von interspezifischen Hybriden der Gattung *Helianthus* und Prüfung auf Resistenz gegen die *Sclerotinia*-Welke und Korbfäule der Sonnenblume. Dissertation Universität Giessen.

- MASIREVIC, S. UND T. J. GULJA (1992): *Sclerotinia* and *Diaporthe* - two devastating sunflower pathogens. *Field Crops Res.* **30**, 271-300.
- SEILER, G. (1992): Utilization of wild sunflower species for the improvement of cultivated sunflower. *Field Crop Res.* **30**, 195-230.
- SEILER, G., J. GULYA UND T. J. LOFGREN (1993): Evaluation of interspecific sunflower germ-plasm for *Sclerotinia* resistance. In: *Proceedings of the 15th Sunflower Research Workshop January 14 + 15, 1993*, 4-9.
- SKORIC, D. (1985): Sunflower breeding for resistance to *Diaporthe/Phomopsis helianthi*. *Helia* **8**, 21-24.
- SKORIC, D. (1992): Achievement and future directions of sunflower breeding. *Field Crops Res.* **30**, 231-270.

Molekulare Charakterisierung von Genbank-Herkünften und Sorten bei *Lactuca sativa* L.

*Molecular characterization of genebank accessions and varieties of *Lactuca sativa* L.*

KLAUS J. DEHMER¹ UND KONRAD BACHMANN¹

Summary

The molecular analysis of the complete *Lactuca sativa* collection of the Gatersleben Genebank (about 1200 accessions) will be performed with PCR-based methods, mainly AFLPs and ISSR-PCR. This detailed characterization of the collection is intended to reveal duplicates and to allow an estimation of the genetic variation contained within the *Lactuca* resources. As a first step, 387 recently received varieties were analyzed. A relatively high genetic similarity was found in 45 selected accessions. By comparing this material to 34 varieties with identical names from the Genebank collection, only in 18 varieties all accessions examined were found to be duplicates, while in 11 varieties clear differences could be detected.

1 Einleitung

Molekulare Fingerprint-Methoden werden in der Genbankarbeit zur Analyse der Evolution von Kulturpflanzen, ihrer taxonomischen Einteilung und *Ex-situ*-Stabilität sowie als Grundlage für zukünftige molekulare Deskriptoren angewandt. Vor allem dienen sie der Charakterisierung und Identifizierung von Akzessionen, der Duplikatsuche und der Ermittlung der genetischen Variation. Als Beispiel für eine der umfangreicheren Gattungskollektionen der Gaterslebener Genbank soll die gesamte *Lactuca*-Sammlung mit Hilfe von PCR-gestützten Methoden molekular analysiert werden, um damit Duplikate zu finden und die genetische Variation in den *Lactuca*-Ressourcen zu bestimmen.

Gleichzeitig werden parallele Untersuchungen an zusätzlichen *L. sativa*-Akkzessionen durchgeführt, um nur wirklich 'neues' Material in die Sammlung aufzunehmen.

¹ Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben

2 Material und Methoden

Zunächst werden 387 Sorten untersucht, die von der Genbank vor kurzem übernommen und 1997 erstmals im Feld angebaut worden sind. Im weiteren werden Ergebnisse in Hinblick auf den Vergleich der 45 Muster dargestellt, die in Form von 34 namensgleichen Sorten bereits in der Genbank-Kollektion vertreten sein sollten; die Analyse der in der Genbank bisher insgesamt vorhandenen 827 *Lactuca*-Herkünfte erfolgt im Anschluß an diese Arbeiten.

Zur Durchführung der Fingerprinting-Reaktionen kamen AP- (Arbitrarily Primed-) und ISSR-(Inter Simple Sequence Repeat-) PCR zur Anwendung, für die komplette *Lactuca*-Kollektion sollen schließlich AFLPs verwendet werden. Hierzu wurden genomische DNAs aus ca. 200 mg jungen *Lactuca*-Blättern nach DOYLE UND DOYLE (1990) extrahiert, die DNA-Konzentrationen fluorometrisch bestimmt und die PCR-Reaktionen mit zwei AP-PCR- sowie drei ISSR-PCR-Primern durchgeführt. Nach Auftrennung der Amplifikationsprodukte in Polyacrylamid-Gelen mit nachfolgender Silbernitrat-Färbung konnten die erzeugten Bandenmuster mit Hilfe des Programmes RFLPScan ausgewertet werden.

3 Ergebnisse und Diskussion

Die Annahme, daß es sich bei Mustern unterschiedlicher Herkunft mit identischem Sortennamen (bis zu vier untersuchte Akzessionen pro Sorte, z.T. von verschiedenen Züchtern) auch um genetisch identisches bzw. weitgehend übereinstimmendes Material handelt, traf lediglich bei 18 Sorten zu. Gewisse Unterschiede waren bei 5 Sorten zu beobachten, während bei mehr als einem Drittel (11) der analysierten Sorten deutliche Abweichungen im Bandenmuster auftraten, hier also definitiv unterschiedliches Material vorlag. Dies hat für die weitere molekulare Genbank-Arbeit zur Folge, daß in Zukunft auch bei Namensduplikaten molekulare Untersuchungen vorgenommen werden müssen, um die in diesem Material vorhandenen pflanzengenetischen Ressourcen erfassen und sichern zu können.

Insgesamt deutet sich für die bei den untersuchten 34 *L. sativa*-Sorten zu beobachtende Gesamtvariation ein eher geringer Umfang an, was mit Ergebnissen von KESSELI UND MICHELMORE (1986), KESSELI ET AL. (1991) sowie HILL ET AL. (1996) übereinstimmt und damit zusammenhängen könnte, daß es sich bei diesen Sorten um z.T. aktuelleres Zuchtmaterial mit aufgrund dieser Tatsache eingeschränktem genetischen Hintergrund handelt. Deutlich mehr Variation im Vergleich zu den infraspezifischen Unterschieden innerhalb von *L. sativa* ist - wie von obigen Autoren beschrieben - in den anderen Arten der Subsektion *Lactuca* vorhanden (Ausnahme: *L. serriola* L. als nächstverwandte Art); eigene Untersuchungen hierzu folgen im Rahmen der molekularen Analyse der gesamten Genbank-*Lactuca*-Sammlung anhand der entsprechenden Arten.

4 Danksagung

Frau Hildegard Selbig (Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion/Dr. A. Börner) wird für die Betreuung des Materials im Feld, Herrn Dr. H. Knüpfner und Herrn U. Freytag (Arbeitsgruppe Genbank-Dokumentation) für die Bereitstellung von Daten sowie Frau Christa Seidel für die technische Assistenz im Labor gedankt.

5 Literatur

- DOYLE, J.J. UND J.L. DOYLE (1990): Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* **12**, 13-15.
- HILL, M., H. WITSENBOER, M. ZABEAU UND P. VOS (1996): PCR-based fingerprinting using AFLPs as a tool for studying genetic relationships in *Lactuca* spp. *Theor.Appl.Genet.* **93**, 1202-1210.
- KESSELI, R.V. UND R.W. MICHELMORE (1986): Genetic variation and phylogenies detected from isozyme markers in species of *Lactuca*. *J.Hered.* **77**, 324-331.
- KESSELI, R.V., O. OCHOA UND R.W. MICHELMORE (1991): Variation at RFLP loci in *Lactuca* spp. and origin of cultivated lettuce (*L. sativa*): *Genome* **34**, 430-436.

Neueinführung von *Origanum vulgare* ssp. *hirtum* für den kommerziellen Anbau in Deutschland

Introduction of Origanum vulgare subsp. hirtum for commercial growing in Germany

KARL HAMMER¹ UND WOLFRAM JUNGHANNS²

1 Einleitung

Sachsen-Anhalt ist aufgrund der besonderen klimatischen und edaphischen Bedingungen ein bedeutendes Anbaugebiet von Arznei- und Gewürzpflanzen. Über eine besonders lange Anbautradition verfügt im Gebiet von Aschersleben der Majoran. Aber auch andere Gewürzpflanzen wie Thymian und Bohnenkraut zeigen eine steigende Anbautendenz. Als genetische Basis für die züchterische Verbesserung der im Anbau befindlichen Sorten steht das Material der Genbank des Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung zur Verfügung. Für die Gruppe der Arznei- und Gewürzpflanzen ist ein umfangreiches Basismaterial vorhanden (vgl. HAMMER 1993), das laufend in Qualitäts- und andere Untersuchungen einbezogen wird, die fach- und institutsübergreifend durchgeführt werden (u.a. DIEDERICHSEN 1996, HAMMER UND JUNGHANNS 1996, 1997, HAMMER UND KRÜGER 1995, KRÜGER UND HAMMER 1996, KRÜGER ET AL. 1996 a, b).

Relativ selten sind spektakuläre Befunde, die es erlauben, eine neue Fruchtart in das Anbauspektrum einzufügen. Dazu sind unbedingt anbau- und verarbeitungsseitige Forschungen notwendig, für die die MAWEA Majoranwerk Aschersleben GmbH günstige Voraussetzungen bereitstellte. Am Beispiel von *Origanum vulgare* subsp. *hirtum* ("Griechischer Oregano") soll diese Sonderform der Nutzung genetischer Ressourcen dargestellt werden. In einem größeren Rahmen reihen sich die Arbeiten ein in Aktivitäten zur Erhaltung und Nutzung der Biodiversität.

An der Genbank des IPK Gatersleben wird dazu ein Projekt koordiniert, das die Potentiale bisher vernachlässigter Kulturpflanzen untersucht. In einer gemeinsam mit dem International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Rom, herausgegebenen Publikationsreihe ist ein spezielles Heft dem Oregano gewidmet (PADULOSI 1997).

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

² MAWEA Majoranwerk Aschersleben GmbH
Majoranweg 21
06449 Aschersleben

2 Anbau und Nutzung von Oregano

Oregano wurde vor allem als Medizinalpflanze und Antiseptikum verwendet und nur selten als Gewürz. In den letzten Jahren gewann er dagegen immer mehr Bedeutung als Gewürzpflanze der Zukunft. Der botanisch vielfältige Begriff 'Oregano' umfaßt 61 Arten aus 17 Gattungen, die wiederum 6 botanischen Familien angehören; beispielsweise sind allein 38 Arten der Gattung *Origanum* beschrieben worden (BERNÁTH 1997). Die wichtigsten Inhaltsstoffe, die verantwortlich sind für Geschmack und Aroma, sind die ätherischen Öle. Der Anteil an ätherischen Ölen schwankt zwischen 3 - 4 % in Mexikanischem Oregano (Gattung *Lippia*) und 2 - 2,5 % in Oregano des Mittelmeerraumes (Gattung *Origanum*) (OLIVIER 1997).

Oregano ist eines der bevorzugten Gewürze in den Ländern des Mittelmeerraumes; die wichtigsten europäischen Oregano-Exporteure sind Türkei, Griechenland und auch Italien; in Frankreich, Deutschland und Großbritannien liegt der jährliche Verbrauch zwischen 350t und 600t (MAFTEI 1992). Auch außerhalb Europas ist ein Verbrauch an Oregano auf einem hohen Niveau von ca. 6.000 t allein in den USA zu verzeichnen. Wegen der hohen Zuwachsraten der Fast-Food-Industrie im Fernen Osten steigt auch dort das Interesse an diesem Gewürz. Eine weitere Ursache für den steigenden Gewürzkonsum allgemein ist der Wandel der Ernährungsgewohnheiten, z.B. der Rückgang des Salz- und Fettverzehr; die Gewürze bieten Ersatz für den so verlorengegangenen Geschmack (OLIVIER 1997).

3 Ergebnisse

Im Jahr 1993 wurde in einem Sichtungsvorhaben aus 15 verschiedenen Herkünften eine geeignete Herkunft ausgewählt. Diese Herkunft, als Nummer 15 bezeichnet, erfüllte die von uns gestellten Erwartungen sowohl bei den Ertrags- als auch bei den Qualitätsmerkmalen. Ausgehend von diesen Ergebnissen wurde im Jahr 1994 ein größerer Versuch von Einzelpflanzennachkommenschaften dieser Nummer angelegt. Dieser Versuch zeigt besonders im Merkmal 'ätherisches Öl' eine sehr hohe Variabilität. Er bestätigte andererseits die Eignung des ausgewählten Materials für die von uns gewünschten Zwecke. Aus diesem Material wurden die besten Einzelpflanzennachkommenschaften in einem Ramsch nachgebaut und deren Saatgut als Basissaatgut für Feldbestände genutzt. Im Jahre 1995 wurden Stickstoff-Düngungsversuche durchgeführt, um eine Anbauoptimierung zu ermöglichen. Parallel hierzu erfolgte eine Pflanzenvermehrung, die es ermöglichte, im Frühjahr 1994 1,3 ha Feldbestand zu etablieren. Aufgrund umfangreicher Analysen, u.a. im Bereich Inhaltsstoffe, z.B. zu antioxidativen Eigenschaften (unveröffentlicht), wurde eine weitere Ausdehnung beschlossen. 1995 stieg die Anbaufläche auf 3 ha, 1996 erreichte sie 18 ha. Probleme traten im Jahr 1997 mit einer bisher unbekanntem Krankheit auf, die zu einer Verbräunung von ca. 5% der Pflanzen geführt hat. Zur Zeit wird an einer erfolgreichen Etablierung von Feldbeständen durch Drillsaat gearbeitet.

4 **Schlußfolgerung**

Auf der Grundlage einer intensiven Zusammenarbeit zwischen einem Industriepartner und einem Forschungsinstitut konnte in sehr kurzer Zeit ein neues Produkt in einer für den deutschen Markt neuen Qualität entwickelt werden. Der hierbei produzierte Oregano zeichnet sich durch sehr gute homogene Qualitätseigenschaften, insbesondere durch einen mehr als doppelt so hohen Ölgehalt, gegenüber Konkurrenzprodukten aus. So konnte durch die effektive Nutzung von Material der Genbank in Gatersleben eine sehr schnelle Umsetzung von der Theorie in die Praxis erreicht und ein zur Zeit in der Qualität konkurrenzloses Produkt entwickelt werden.

5 **Literatur**

- BERNÁTH, J. (1997): Some scientific and practical aspects of production and utilization of oregano in Central Europe. In: Oregano, Proc. Int. Workshop, May 1996, 76-93.
- DIEDERICHSEN, A. (1996): Results of a characterization of a germplasm collection of coriander (*Coriandrum sativum* L.) in the Gatersleben genebank. Beitr. Züchtungsforsch. **2**, 45-48.
- HAMMER, K. (1993): Heil- und Gewürzpflanzen in der Genbank Gatersleben. Drogenreport **6**, 16-18.
- HAMMER, K. AND W. JUNGHANNS (1996): Evaluation of a variable collection of *Ocimum spp.* Beitr. Züchtungsforsch. **2**, 41-44.
- HAMMER, K. AND W. JUNGHANNS (1997): *Origanum majorana* L. - some experiences from Eastern Germany. In: Oregano, Proc. Int. Workshop, May 1996, 100-102.
- HAMMER, K. UND H. KRÜGER (1995): Evaluierung der Dill (*Anethum graveolens* L.) - Kollektion der Genbank Gatersleben (chemische Zusammensetzung der Fruchttöle). Drogenreport **8**, 20-25.
- KRÜGER, H., A. DIEDERICHSEN AND K. HAMMER (1996a): The investigation of parallel variations in *Umbelliferae* provenances by comparison of essential seed oil. Beitr. Züchtungsforsch. **2**, 359-363.
- KRÜGER, H. AND K. HAMMER (1996): A new chemotype of *Anethum graveolens* L. J. Essent. Oil Res. **8**, 205-206.
- KRÜGER, H., B. ZEIGER, A. DIEDERICHSEN UND K. HAMMER (1996b): Zur chemischen Variabilität ätherischer Korianderöle. Drogenreport **9**, 22-26.
- MAFTEL, M. (1992): Dry culinary herbs: an overview of selected western European markets. In: Plantes aromatiques et medicinales. Nyon, France, 249-287.
- OLIVIER, G.W. (1997): The world market of oregano. In: Oregano, Proc. Int. Workshop, May 1996, 142-146.
- PADULOSI, S. (ed.) (1997): Oregano. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 14. Proc. Int. Workshop, May 1996, 176 pp.

Schutz heimischer pflanzengenetischer Ressourcen in Sachsen-Anhalt

Protection of local plant genetic resources in Saxony - Anhalt

KARL HAMMER ¹

1 Einleitung

Für Sachsen-Anhalt liegt jetzt das „Konzept zur Umsetzung nationaler und internationaler Regelungen und Programme zur Erfassung, zum Erhalt und zur Nutzung von genetischen Ressourcen,“ vor (MILAN Mitteldeutsche Landschaftsplanungsgesellschaft mbH und LPR Landschaftsplanung Dr. Reichhoff GmbH 1995). Damit und mit einer Publikation zum Schutz heimischer pflanzengenetischer Ressourcen (Ministerium für Raumordnung, Landwirtschaft und Umwelt 1997) werden die besonderen Aktivitäten von Sachsen-Anhalt auf diesem Gebiet dokumentiert. Sie werden auch durch eine Reihe von entsprechenden Einrichtungen belegt, die sowohl der *Ex-situ*- als auch der *In-situ*-Erhaltung verpflichtet sind. Mit den Publikationen ist Sachsen-Anhalt das erste Bundesland, das zum Schutz der heimischen pflanzengenetischen Ressourcen und ihrer Lebensräume ein Handlungskonzept vorlegt.

2 Erfassung der pflanzengenetischen Ressourcen

In enger Zusammenarbeit mit der Genbank Gatersleben wurden im ehemaligen Institut für Landschaftsforschung und Naturschutz Halle in den Jahren 1983 bis 1986 Erfassungen und Bewertungen von pflanzengenetischen Ressourcen in 773 Naturschutzgebieten des östlichen Deutschland durchgeführt (SCHLOSSER 1987). Eingeschlossen waren auch die Schutzgebiete des heutigen Sachsen-Anhalt. In das Erfassungsprogramm waren 163 einheimische pflanzen-genetische Ressourcen einbezogen. 120 ehrenamtliche Mitarbeiter konnten für die Arbeiten gewonnen werden. Etwa 100.000 ha Naturschutzgebietsfläche wurden untersucht; insgesamt konnten 15.000 Standorte in Naturschutzgebieten erfaßt werden.

Eine Erweiterung der Untersuchungen führte zu einer Bewertung der pflanzengenetischen Ressourcen Mitteleuropas (SCHLOSSER ET AL. 1991). Damit lag erstmalig eine fundierte Charakterisierung für ein definiertes Gebiet vor (vgl. auch HAMMER UND SCHLOSSER 1995), die auch für die gesamte

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

Bundesrepublik Bedeutung erlangt hat (OETMANN ET AL. 1995). Eine Liste der Wildpflanzenressourcen Sachsen-Anhalts wurde gesondert erarbeitet.

3 Schutzmaßnahmen und -gebiete

3.1 *In-situ*-Erhaltung

Großschutzgebiete	In Sachsen-Anhalt befinden sich der Nationalpark Hochharz, das Biosphärenreservat Mittlere Elbe und der Naturpark Drömling.
Naturschutzgebiete	Der Anteil von pflanzengenetischen Ressourcen an der Gesamtartenzahl schwankt zwischen 43,9 % (Steckby-Lödderitzer Forst) und 55,9 % (NSG Rößling).
Flächige Naturdenkmale	Dazu gehören Feldflorareservate einschließlich extensiv genutzter Weinberge, Streuobstwiesen, Dorfflorareservate, Stadfflorareservate und Restbestände von Gehölzen.
Naturdenkmale	Besonders bedeutsam für genetische Wald- und Obstressourcen.
Geschützte Landschaftsbestandteile	Für die Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen sind hier besonders wichtig: Feldgehölze und Kleinwälder, Restbestände von Gehölzen, Alleen, extensiv oder nicht genutzte Biotopkomplexe.
Landschaftsschutzgebiete	Aufgrund ihrer meist erheblichen Flächengröße tragen sie zur Erhaltung der biologischen Vielfalt bei.

3.2 *Ex-situ*-Erhaltung

In Sachsen-Anhalt gibt es eine Reihe wichtiger *Ex-situ*-Sammlungen:

- Genbank Gatersleben - sie gehört zu den zehn größten Genbanken weltweit.
- Botanische Gärten - hier ist besonders der Botanische Garten Halle zu erwähnen, der auch in Erhaltungsprogramme eingebunden ist.

- Agrarmuseen - sie können den Anbau alter Landsorten von Kulturpflanzen betreiben, die an die Kulturen gebundene Wildflora fördern, einen Bauerngarten unterhalten und Flächen mit extensivem Grünland bewirtschaften. Eine fachliche Zusammenarbeit der Genbank Gatersleben gibt es mit den Museen in Diesdorf und Ummendorf (vgl. z.B. HAMMER 1990, HELLER 1995).
- Andere Sammlungen - hervorragende Bedeutung hat das Rosarium in Sangerhausen, das eine der größten Rosensammlungen der Welt beherbergt.

4 Aufgaben für die Kulturpflanzenforschung

Zur weiteren Entwicklung des Konzeptes der pflanzengenetischen Ressourcen in Sachsen-Anhalt lassen sich die spezifischen Erfahrungen der Genbank einsetzen.

Aus einem Forderungskatalog sind in diesem Zusammenhang besonders folgende Abschnitte von Interesse und sollten die weitere Basis für die Zusammenarbeit der Genbank vor allem mit der Abteilung Naturschutz des Landesamtes für Umweltschutz Sachsen-Anhalt bilden:

- Entwicklung umsetzbarer Konzepte zur *In-situ*-Erhaltung der heimischen pflanzengenetischen Ressourcen im Rahmen der Erhaltung der gesamten biologischen Vielfalt und der repräsentativen Erfassung ihrer Lebensräume im Schutzgebietssystem,
- Erarbeitung von Grundlagen für effektive Artenhilfsprogramme für besonders bestandsbedrohte heimische pflanzengenetische Ressourcen,
- Entwicklung von effektiven *Ex-situ*-Maßnahmen für besonders bestandsbedrohte heimische pflanzengenetische Ressourcen,
- Ermittlung und Bewertung des Umfangs und Tempos der genetischen Erosion und Auswirkungen auf Mensch und Ökosysteme,
- Vertiefung taxonomischer Grundlagen zur Klärung von Verwandtschaftsverhältnissen innerhalb des Genpools sowie die Erarbeitung bzw. Verbesserung von Methoden zur Unterscheidung bzw. der Definition autochthonen Materials
- Ökonomische Bewertung heimischer pflanzengenetischer Ressourcen zur Entwicklung umweltgerechter Technologien, zur Nutzung für neue nachwachsende Rohstoffe, zur Erweiterung der Nahrungsmittel- und Rohstoffherzeugung,

- Klärung von Ausmaß und Auswirkung der Hybridisierung vor allem von Forstpflanzenarten sowie Arten des Graslandes mit Kulturformen und Fremdherkünften,
- Erarbeitung bzw. Weiterentwicklung der wissenschaftlichen, technologischen, organisatorischen und weiteren Grundlagen zur Bereitstellung von Pflanzenmaterial von autochthonen Baum- und Straucharten für den Wald- und Landschaftsbau,
- Weiterentwicklung von Techniken zur sicheren Langzeitlagerung von Saatgut von Problemarten.

5 Literatur

- HAMMER, K. (1990): Erhaltung alter Landsorten in Dorfmuseen und ähnlichen Einrichtungen. Sonderinformation „Die genetische Mannigfaltigkeit der heimischen Farn- und Blütenpflanzen,„ Institut für Umweltschutz - Umweltinform (13. Jahrgang) **4**, 72-76.
- HAMMER, K. AND S. SCHLOSSER (1995): The relationship between agricultural and horticultural crops in Germany and their wild relatives. Report of a DSE/ATSAF/IPGRI workshop, Bonn-Röttgen, 74-82.
- HELLER, R. (1995): Obst in der Altmark: Entstehung, Verbreitung und Verdrängung von Lokalsorten. Verein KULTUR-Landschaft Haldensleben-Hundisburg.
- MILAN (MITTELDEUTSCHE LANDSCHAFTSPLANUNGSGESELLSCHAFT MBH) UND LPR (LANDSCHAFTS PLANUNG DR. REICHHOFF GMBH),(HRSG.) (1995): Konzept zur Umsetzung nationaler und internationaler Regelungen und Programme zur Erfassung, zum Erhalt und zur Nutzung von genetischen Ressourcen im Land Sachsen-Anhalt. Dessau, 123 S. plus Anhang.
- MINISTERIUM FÜR RAUMORDNUNG, LANDWIRTSCHAFT UND UMWELT DES LANDES SACHSEN - ANHALT (1997): Schutz der heimischen pflanzengenetischen Ressourcen und ihrer Lebensräume im Land Sachsen-Anhalt (Farn- und Blütenpflanzen).
- OETMANN, A., R. BROCKHAUS UND F. BEGEMANN (HRSG.) (1995): Erhaltung und nachhaltige Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen: Deutscher Bericht zur Vorbereitung der 4. Internationalen Technischen Konferenz der FAO über pflanzengenetische Ressourcen. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten. Reihe A, Nr. **44**.
- SCHLOSSER, S. (1987): Abschluß der Erfassung der genetischen Pflanzenressourcen in den Naturschutzgebieten der DDR. Naturschutzarbeiten in den Bezirken Halle und Magdeburg **24** (1), II-VI.
- SCHLOSSER, S., L. REICHHOFF UND P. HANELT (1991): Wildpflanzen Mitteleuropas - Nutzung und Schutz. Deutscher Landwirtschaftsverlag.

Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops

KARL HAMMER¹ AND JOACHIM HELLER¹

Summary

Conservation of plant genetic resources predominantly focused on a relatively small number of major crop species. Relatively little attention has been given to the existing wide range of „minor“ plant species, some of which although considered „neglected“ and/or „underutilized“ on a global level, are known to have important uses on the local and national levels. Many other species are believed to have significant potential in terms of contributing to local and national food needs. Neglected crops have been ignored by science and development but are still being used in those areas where they are well adapted and competitive. Underutilized crops are those which were once more widely grown and consumed and have fallen or are falling into disuse. Usually minor crops fall into both categories. Effective use of the genetic resources of such neglected species can help increase awareness of their value and promote efforts to conserve them. One major factor hampering efforts towards this end is that information on germplasm, in particular on neglected crops, is not readily accessible. Often such information is found in ‘grey literature’ and/or is documented in languages which may not be familiar to interested researchers. Knowledge about the potential value of neglected crops species is limited.

The aim of this project was to identify key information sources and to systematically compile, analyze and disseminate information on a selected set of neglected crop species/ genepools with a view to facilitate the development of a well-targeted global plan of action to improve their conservation and use. The resulting information base will support continued research on the conservation and use of these neglected crops. 17 crop monographs on neglected crops have been published to date, and 8 additional titles are in press or in preparation.

1 Introduction and approach

Humanity relies on a diverse range of cultivated species; at least 6000 such species are used for a variety of purposes (SCHULTZE-MOTEL 1986, HAMMER 1995). It is often stated that only a few staple crops produce the majority of the food supply. Nevertheless, the important contribution of many minor species should not be underestimated (PRESCOTT-ALLEN AND PRESCOTT-ALLEN 1990). Agricultural research has traditionally focused on major staples, while relatively little attention has been given to minor

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

(underutilized or neglected) crops, particularly by scientists in developed countries. Such crops have, therefore, generally failed to attract significant research funding. Unlike most staples, many of these neglected species are adapted to various marginal growing conditions such as those of the Andean and Himalayan highlands, arid areas, salt-affected soils, etc. Furthermore, many crops considered neglected at a global level are staples at a national or regional level (e.g. tef, fonio, Andean roots and tubers etc.), contribute considerably to food supply in certain periods (e.g. indigenous fruit trees) or are important for a nutritionally well-balanced diet (e.g. indigenous vegetables). These crops are frequently forgotten in development work, although having a real potential to contribute to sustainable food production and to food security. The limited information available on many important and frequently basic aspects of neglected and underutilized crops hinders their development and their sustainable conservation. One major factor hampering this development is that the information available on germplasm is scattered, i.e. only found in 'grey literature' or written in languages not well-known to the scientific community concerned. Moreover, existing knowledge on the genetic potential of neglected crops is limited. Hence, research on such neglected crop species has often been carried out in an uncoordinated manner and few effective conservation efforts exist. The Global Plan of Action for the Conservation and Sustainable Utilization of Plant Genetic Resources for Food and Agriculture, adopted at Leipzig, Germany in June 1996, also gives clear priority to the conservation and use of „minor and underutilized crop species“ (Priority Activity Area 20: „Promoting development and commercialization of underutilized crops and species“; FAO 1996).

Since November 1993, the International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI) and the Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), carried out a joint project on „Genetic resources of neglected crops with good development potential: their conservation, use and breeding status“. The approach taken by this project was to research, collate and publish relevant information on the genetic resources of a selected set of neglected crop species with appreciable development potential. The overall aim was to promote general awareness of the actual and potential uses of these crops, i.e. to develop a general strategy on how best to deal with the multitude of species and also to facilitate/practice some of the ideas within the context of crop networks through improved cooperation between scientists worldwide (HELLER 1997).

2 Results

By October 1997, 17 monographs were published and 8 additional titles were prepared for publication under the series editorship of J. HELLER (IPK), J. ENGELS (IPGRI) and K. HAMMER (IPK) (Tab. 1). Each monograph follows an established standard outline. The information compiled in each monograph aims to:

- (1) identify of constraints and possible solutions in the use of the crops,
- (2) identify possible untapped genetic diversity for breeding and crop improvement programmes,
- (3) detect existing gaps in available conservation and use approaches, and

- (4) establish priorities for further research.

The series as a whole is intended to contribute to the improvement of the potential value of these crops through increased use of the available genetic diversity. In addition, it is hoped that the monographs in the series will form a valuable reference source for all those scientists involved in conservation, research, improvement and promotion of these crops.

All the published titles are now included in IPGRI's Publications List, which is also available on the internet (address: <http://www.cgiar.org/ipgri>).

3 Conclusions

It can be expected that developing countries in particular, will benefit significantly from the project and its results. The specific approach taken in gathering and analyzing information has been effective in bringing experts and the relevant crop researchers into contact with each other. It is believed that such collaborative links along with the information-base resulting from the project will contribute to more efficient and effective conservation efforts. It will also improve understanding of the specific problems and constraints faced with particular crops thereby facilitating focused approaches to their solution. Thus, the conservation of indigenous plant genetic resources as well as their effective use in national crop improvement programmes will be promoted. This will ultimately lead to the realization of the potential of these crop species in contributing to food production in the countries where they occur.

Tab. 1: Crop monographs published, in press and in preparation.

Title	Species		AUTHOR(S)	Publ. Year
	Common name	Scientific name		
1.	Physic nut	<i>Jatropha curcas</i>	J. HELLER	1996
2.	Yam bean	<i>Pachyrhizus</i> spp.	M. SØRENSEN	1996
3.	Coriander	<i>Coriandrum sativum</i>	A. DIEDERICHSEN	1996
4.	Hulled wheats ¹	<i>Triticum</i> spp.	S. PADULOSI, K. HAMMER AND J. HELLER, EDS.	1996
5.	Niger	<i>Guizotia abyssinica</i>	A. GETINET AND S. SHARMA	1996
6.	Pili nut	<i>Canarium ovatum</i>	R.E. CORONEL	1996
7.	Safflower	<i>Carthamus tinctorius</i>	LI DAJUE AND H.-H. MÜNDEL	1996
8.	Chayote	<i>Sechium edule</i>	R. LIRA SAADE	1996
9.	Bambara groundnut ¹	<i>Vigna subterranea</i>	J. HELLER, F. BEGEMANN AND J. MUSHONGA, EDS.	1997
10.	Breadfruit	<i>Artocarpus altilis</i>	D. RAGONE	1997
11.	Cat's whiskers	<i>Cleome gynandra</i>	J.A. CHWEYA AND N.A. MNZAVA	1997
12.	Tef	<i>Eragrostis tef</i>	SEYFU KETEMA	1997
13.	Sago palm	<i>Metroxylon sagu</i>	M. FLACH	1997
14.	Oregano ¹	<i>Origanum</i> spp.	S. PADULOSI, ED.	1997
15.	Black nightshades	<i>Solanum nigrum</i>	J.M. EDMONDS AND J.A. CHWEYA	1997
16.	Traditional Vegetables ¹	various species	L. GUARINO, ED.	1997
17.	Carob tree	<i>Ceratonia siliqua</i>	I. BATLLE AND J. TOUS	1997
18.	Grasspea	<i>Lathyrus sativus</i>	C. CAMPBELL	in press
19.	Buckwheat	<i>Fagopyrum esculentum</i>	C. CAMPBELL	in press
20.	Peach palm	<i>Bactris gasipaes</i>	J. MORA-URPÍ, J.C. WEBER AND C.R. CLEMENT	in press
21.	Andean root crops: Arracacha, yacon, maca and ahipa	<i>Arracacia xanthorrhiza</i> , <i>Polymnia sonchifolia</i> , <i>Lepidium meyenii</i> and <i>Pachyrhizus ahipa</i>	M. HERMANN AND J. HELLER, EDS.	in press
22.	Lupins	<i>Lupinus</i> spp.	W. COWLING, B. BUIRCHELL AND M. TAPIA	in prep.
23.	Chenopods Asia	<i>Chenopodium album</i>	TEJ PARTAP, B.D. JOSHI AND N. GALWEY	in prep.
24.	Aibika	<i>Abelmoschus manihot</i>	S. PRESTON	in prep.
25.	Jackfruit, chempedak and marang	<i>Artocarpus</i> spp.	ZAINAL ABIDIN MOHAMED, ABDUL RAHMAN MILAN AND A.N. RAO	in prep.

¹ Proceedings of workshop

4 Acknowledgement

Financial support provided by the Federal Ministry of Economic Cooperation and Development (BMZ) through the German Agency for Technical Cooperation and Development (GTZ) is duly acknowledged.

5 References

- FAO (1996): The Global Plan of Action for the Conservation and Sustainable Utilization of Plant Genetic Resources for Food and Agriculture (PGRFA), adopted by the International Technical Conference on Plant Genetic Resources (Leipzig, Germany. 17-23 June, 1996). Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy.
- HAMMER, K. (1995): *Ex-situ-* und *In-situ*-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen. IWU-Tagungsberichte (Magdeburg), 17-32.
- HELLER, J. (1997): Genetic resources of neglected crops with good development potential: their conservation, use and breeding status. Final report submitted to the Deutsche Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit (GTZ) GmbH. IPGRI, Rome. 23 pp. (unpublished).
- PRESCOTT-ALLEN, R. AND C. PRESCOTT-ALLEN (1990): How many plants feed the world? *Conservation Biology* **4**(4), 365-374.
- SCHULTZE-MOTEL, J. (Hrsg.) (1986): Rudolf Mansfelds Verzeichnis landwirtschaftlicher und gärtnerischer Kulturpflanzen (ohne Zierpflanzen). Akademie-Verlag, Berlin. **4** Vols.

Sekundäre Evaluierung von Genbankmaterial - Ergebnisse und Informationsbereitstellung

Secondary evaluation of genebank material - results and information service

KARL HAMMER¹, ULRICH FREYTAG¹, URSULA WALTHER² UND HELMUT KNÜPFER¹

Einleitung

Die sekundäre Evaluierung der Sammlung pflanzen genetischer Ressourcen der Genbank Gatersleben erfolgt gemeinsam mit Spezialisten anderer Struktureinheiten des IPK und 20 Partnereinrichtungen im In- und Ausland. Der wichtigste Partner für die sekundäre Evaluierung ist die Bundesanstalt für Züchtungsforschung (BAZ), Quedlinburg. Ergebnisse der primären und sekundären Evaluierung werden seit 1995 maschinenlesbar erfaßt und mit Hilfe von Visual FoxPro in einem „Datenspeicher sekundäre Evaluierung“, archiviert. Es sind unterschiedlichste Evaluierungsdaten von 15.512 Pflanzensippen (23 Fruchtarten), insbesondere Resistenz- und Qualitätsmerkmale bei Getreide, Hülsenfrüchten, Gemüse, Arznei- und Gewürzpflanzen, gespeichert, die über die Sortimentsnummern der Akzessionen eine Zuordnung zu den Paßportdaten und den Daten der primären Evaluierung sowie den Qualitätsdaten des im Saatgutkühlagerhaus eingelagerten Saatgutes ermöglichen. Darüber hinaus werden Bilddatenbanken zur Unterstützung der morphologischen Evaluierung von Genbankmaterial aufgebaut.

Weiteres umfangreiches Genbankmaterial wurde für Untersuchungszwecke selektiert und Partnereinrichtungen bereitgestellt. Allein an den Instituten der BAZ laufen derzeit Evaluierungsprojekte an 17 Kulturpflanzengruppen der Genbank hinsichtlich verschiedener Krankheitsresistenzen sowie an 26 Kulturpflanzengruppen hinsichtlich der Inhaltsstoffe, der Toleranz gegenüber abiotischen Streßfaktoren und anderer Merkmale. Die Untersuchungsergebnisse sind in den nächsten Jahren zu erwarten. In den nachfolgenden Tabellen (Tab. 1 bis Tab. 5) sind nur die Projekte aufgeführt, deren Daten in der Genbank vorliegen und in die Datenbank aufgenommen wurden. Am Institut für Epidemiologie und Resistenz der BAZ in Aschersleben werden Daten langjähriger rassenspezifischer Resistenzuntersuchungen u.a. gegen Mehltau und Zwergrost an über 6.000 Gersten-Akzessionen im

¹ Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben

² Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Epidemiologie und Resistenz (IfE/R)
Theodor-Roemer-Weg 4
06449 Aschersleben

Sekundäre Evaluierung von Genbankmaterial

Rahmen des BML-Verbundprojektes EVA erfaßt, um sie in ein zentrales Informationssystem für Evaluierungsdaten aufzunehmen.

Die Daten der sekundären Evaluierung ergänzen die seit 1992 in Gatersleben erfaßten Boniturergebnisse aus dem laufenden Erhaltungsanbau. Ältere, in Karteien und Feldbüchern vorliegende Boniturergebnisse werden im Rahmen des bereits genannten Projektes EVA am IPK rückwirkend erfaßt. Insgesamt wird durch die Erfassung dieser Daten der Service für die Nutzer der Genbank wesentlich erweitert.

1 Biotische Streßfaktoren (Virosen, pilzliche Erreger, tierische Schaderreger)

Diese Evaluierungen haben besondere Bedeutung für die Nutzung des Materials in der Resistenzforschung und -züchtung. Schon seit 1955 laufen entsprechende Programme an der Genbank (NOVER UND MANSFELD 1955). In den letzten Jahren werden sie vor allem auf Viren und die sie übertragenden Blattläuse ausgeweitet. Erste neuere Arbeiten zum gesamten Problemkreis liegen als Publikationen vor (FUCHS ET AL. 1995, KRÄMER ET AL. 1995, SCHOLZE ET AL. 1995, SCHOLZE UND HAMMER 1996, SCHLIEPHAKE ET AL. 1996, MAIER ET AL. 1997, WALTHER ET AL. 1997).

2 Abiotische Streßfaktoren

Winterfestigkeit bzw. Kältetoleranz gehören zu den gegenwärtig untersuchten Faktoren bei einer Reihe von Fruchtarten. Im Hinblick auf zahlreiches Genbankmaterial aus Wüsten- und Steppengebieten befinden sich Trockenresistenzuntersuchungen in Vorbereitung.

3 Qualitätsmerkmale

Die Untersuchung dieser Merkmale stellt einen weiteren Schwerpunkt dar. Besonders intensiv bearbeitet werden Arznei- und Gewürzpflanzen. Die Vielfalt der Inhaltsstoffe in Früchten der Kollektionen von verschiedenen Doldenblütlern konnte so demonstriert werden. Die Variationsbreite im Genbankmaterial ist außerordentlich hoch und übertrifft in Qualität und Quantität bei weitem das bisher bekannte Spektrum. Einige Arbeiten sind in den letzten Jahren aus den Untersuchungen am Material der Genbank Gatersleben hervorgegangen (HAMMER UND KRÜGER 1995, DIEDERICHSEN 1996, HAMMER UND JUNGHANNS 1996, KRÜGER ET AL. 1996/a, b und c).

Tab.1: Ergebnisse von Evaluierungen auf biotische Streßfaktoren, die in die Datenbank aufgenommen wurden

Tab. 1: Results of evaluations for biotic stresses which were integrated in the database

Pflanzengruppe	Merkmale	Anz.	Akzess.	Partner, Quelle
<i>Aegilops</i>	Gelbrost	1	108	MLU Halle Genbank Prag
	<i>Puccinia, Erysiphe</i>	2	196	
Basilikum (<i>Ocimum basilicum</i>)	verschiedene Pflanzenviren	1	27	Eisleben, Aschersleben
Erbsen (<i>Pisum spp.</i>)	Virus PSbMV	1	850	BAZ Aschersleben
Gerste (<i>Hordeum vulgare</i>)	Gelbrost	1	204	BAZ Aschersleben
	Mehltaurassen	1	187	
	Zwergrost	1	115	
	Zwergrost	1	203	
	Mosaikvirus, Schiemann-Sortiment	1	1	Lochow-Petkus GmbH, Northeim
	BYDV-Toleranz	3	17	BAZ Aschersleben
	Reaktionstypen Wintergerste gegenüber Mosaikviruskomplex	1	20	
	Resistenz Wintergerste PYDV (PAV; MAV)	7	18	
	Feldbonituren einschl. Keimpflanzenreaktion	1	462	
	Mosaikvirus	1	6	
Hafer (<i>Avena sativa</i>)	Mehltau	1	8	Euphytica 89: 405- 410, 1996
Kohl (<i>Brassica oleracea</i>)	<i>Fusarium</i>	8	9	BAZ Aschersleben
	Blattlaus (<i>Brevicoryne brassicae</i>)	1	4	Plant Genetics and Biotechno-logy, Welles-bourne
	ELISA Test BWYV-Virus	1	11	
Lupinen (<i>Lupinus spp.</i>)	Virusresistenz gegen BYMV-Gemisch	1	104	BAZ Aschersleben
Mais (<i>Zea mays</i>)	Resistenzen gegen SCMV und MDMV- Viren	2	18	Inst. für Phyto- pathologie, MLU Halle
Weizen (<i>Triticum spp.</i>) Gerste (<i>Hordeum spp.</i>)	Aphiden	3	29	BAZ Aschersleben
Zwiebel (<i>Allium spp.</i>)	Nematodenbefall in Freilandprüfungen	1	99	BAZ Aschersleben

Tab. 2: Ergebnisse von Evaluierungen auf abiotische Stressfaktoren, die in die Datenbank aufgenommen wurden

Tab. 2: Results of evaluations for abiotic stresses which were integrated in the database

Pflanzengruppe	Merkmale	Anzahl	Akzessionen	Partner, Quelle
Gartenbohne (<i>Phaseolus vulgaris</i>)	Kältetoleranz	5	1839	IPK Gatersleben
Kornrade (<i>Agrostemma githago</i>)	Winterfestigkeit	1	170	Gesellschaft für Goetheanistische Forschung, Neu-Darchau
Tomate (<i>Lycopersicon esculentum</i>)	Kältetoleranz ausgedrückt im Exosmose-Wert	1	603	IPK Gatersleben

Tab. 3: Ergebnisse von Evaluierungen auf Qualitätsmerkmale, die in die Datenbank aufgenommen wurden

Tab. 3: Results of evaluations for quality traits which were integrated in the database

Pflanzengruppe	Merkmale	Anzahl	Akzessionen	Partner, Quelle
Basilikum (<i>Ocimum</i> spp.)	Inhaltsstoffe	1	171	Majoranwerk Aschersleben
Koriander (<i>Coriandrum sativum</i>)	Boniturmerkmale und Boniturskalen, Anbau 1994-1996	40	745	Dissertation
	Mittelwertvergleich für morphologische und phänologische Merkmale 1994-1996	38	192	Evaluierung Koriander 1996 Gatersleben / Göttingen
	Mittelwertvergleich, Gehalt und Zusammensetzung des ätherischen und fetten Öls	40	162	
Dill (<i>Anethum graveolens</i>)	Wasserdampfdestillation der Früchte	11	63	BAZ Quedlinburg
	Extraktion der Früchte	11	63	
Fenchel (<i>Foeniculum vulgare</i>)	Ölzusammensetzung	10	42	BAZ Quedlinburg
Kümmel (<i>Carum carvi</i>)	Zusammensetzung der Öle	3	60	BAZ Quedlinburg
	Evaluierung von Akzessionen	3	8	BAZ Quedlinburg

4 Morphologische, phänologische und andere Merkmale

Hierunter ist eine große Zahl von Boniturdaten erfaßt, zu denen Pflanzenzüchter einen Beitrag geleistet haben. Für die Arbeiten zur männlichen Sterilität der Ackerbohne (*Vicia faba*) wurde von der Genbank eine Kollektion von möglichst diversen Mustern (*Core Collection*) ausgewählt. Dieses Material hat erfolgreich zur Weiterentwicklung eines CMS-Systems der Ackerbohne beigetragen.

Tab. 4: Ergebnisse von Evaluierungen auf biotische Streßfaktoren, die in die Datenbank aufgenommen wurden

Tab. 4: Results of evaluations for biotic stresses which were integrated in the database

Pflanzengruppe	Merkmale	Anzahl	Akzessionen	Partner, Quelle
<i>Aegilops</i>	Boniturdaten	15	126	-----
Ackerbohnen (<i>Vicia faba</i>)	Männliche Sterilität an Ackerbohnen	-	-	Saatzuchtanstalt Stuttgart- Hohenheim
Amaranth (<i>Amaranthus</i> spp.)	Bonituren	4	7	Rodale Institute Research Center Kutztown
Knollensellerie (<i>Apium graveo- lens</i>)	Feldbonituren	12	81	HILD Samen Marbach/Neckar
Kohl (<i>Brassica oleracea</i>)	Feldbonituren im Kohlanbaugebiet Dithmar- schen	8	76	Marne Züchtung, Marne
	Charakterisierung verschiedener Sippen	7	69	Dissertation Göttingen 1988
Roggen (<i>Secale cereale</i>)	Merkmalsmittelwerte und Prüfzeiträume	12	855	Sortiment der Außenstelle Gülzow des IPK
	Einzelwerte von Merkmalen nach Untersuchungsjahren	16	2620	
Triticale	Merkmalsmittelwerte und Prüfzeiträume	17	679	Sortiment der Außenstelle Gülzow des IPK
	Einzelwerte von Merkmalen nach Untersuchungsjahren	19	2085	

5 Nachwachsende Rohstoffe

Diesem Komplex kommt wachsende Bedeutung zu. Neben den aufgeführten sind weitere Untersuchungen relevant, die in anderen Abschnitten aufgeführt sind (u.a. Fette und ätherische Öle bei Koriander, vergl. unter Qualitätsmerkmalen). Ein umfangreiches Projekt zur Biomasseproduktion bei Gerste als Basis für nachwachsende Brennstoffe befindet sich in der Abschlußphase (Gesamthochschule Universität Kassel/Witzenhausen).

Tab. 5: Ergebnisse von Evaluierungen von Genbank-Akzessionen hinsichtlich ihrer Eignung als nachwachsende Rohstoffe, die in die Datenbank aufgenommen wurden.

Tab. 5: Results of evaluations of genebank accessions for their suitability as renewable resources which were integrated in the database

Pflanzengruppe	Merkmale	Anzahl Akzessionen		Partner, Quelle
Sonnenblumen (<i>Helianthus</i> spp.)	Gewinnung von Pflanzenmark (Sorten)	8	5	Institut für landwirtschaftliche Forschung und Untersuchung Halle/Saale
	Pflanzenmark (Gatersleben Sortiment)	8	14	
	Pflanzenmark (Landessortenversuch)	7	18	
Gerste (<i>Hordeum vulgare</i>)	Feldbonituren und R-Wert, Amylose-/Amylopektin-Verhältnis	13	2063	Carsten Pflanzenzucht Bad Schwartau

6 Literatur

- DIEDERICHSEN, A. (1996): Results of a characterization of a germplasm collection of coriander (*Coriandrum sativum* L.) in the Gatersleben genebank. Beitr. Züchtungsforsch. **2**, 45-48.
- FUCHS, E., M. GRÜNTZIG, K. HAMMER, U. OERTEL AND I. EINECKE (1995): Evaluation of maize material of the genebank Gatersleben for resistance to the viruses SCMV and MDMV. Beitr. Züchtungsforsch. **1**, 79-82.
- HAMMER, K. AND W. JUNGHANNS (1996): Evaluation of a variable collection of *Ocimum* spp. Beitr. Züchtungsforsch. **2**, 41-44.
- HAMMER, K. UND H. KRÜGER (1995): Evaluierung der Dill- (*Anethum graveolens* L.) -Kollektion der Genbank Gatersleben (chemische Zusammensetzung der Fruchtöle). Drogenreport **8**, 20-25.
- KRÄMER, R., E. KLOCKE, M. NEUMANN, U. RYSCHKA, G. SCHUMANN, E. CLAUSS AND K. HAMMER, (1995): Utilization of genetic sources for producing resistant basic material. Berichte BAZ, 386-389.

- KRÜGER, H., A. DIEDERICHSEN AND K. HAMMER (1996/a): The investigation of parallel variations in Umbelliferae provenances by comparison of essential seed oil. *Beitr. Züchtungsforsch.* **2**, 359-363.
- KRÜGER, H. AND K. HAMMER (1996b): A new chemotype of *Anethum graveolens* L. *J. Essent. Oil Res.* **8**, 205-206.
- KRÜGER, H., B. ZEIGER, A. DIEDERICHSEN UND K. HAMMER (1996/c): Zur chemischen Variabilität ätherischer Korianderöle. *Drogenreport* **9**, 22-26.
- MAIER, W., K. HAMMER, U. DAMMANN, B. SCHULZ AND D. STRACK (1997): Accumulation of sesquiterpenoid cyclohexenone induced by an arbuscular mycorrhizal fungus in members of Poaceae. *Planta* **202**, 36-42.
- NOVER, I. UND R. MANSFELD (1955): Resistenzeigenschaften im Gersten- und Weizensortiment Gatersleben. I. Prüfung von Sommergersten auf ihr Verhalten gegen *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* Marchal. *Kulturpflanze* **3**, 105-113.
- SCHLIEPHAKE, E., K. GEIBLER UND K. HAMMER (1996): Genetische Ressourcen als mögliche Quellen für Resistenz von Getreide gegen Aphiden. *Mitt. Biol. Bundesanst. Land- u. Forstwirtschaft.* **321**, 281.
- SCHOLZE, P. UND K. HAMMER (1996): Ergebnisse von Resistenzevaluierungen bei Kruziferen mit *Plasmodiophora*, *Alternaria* und *Phoma lingam*. *Mitt. Biol. Bundesanst. Land- u. Forstwirtschaft.* **321**, 275.
- SCHOLZE, P., R. KRÄMER, U. RYSCHKA, G. SCHUMANN, M. NEUMANN AND K. HAMMER (1995): Reaction of *Brassica* genotypes to turnip mosaic polyvirus. ISHS Vegetable Virus Working Group, Proc. 8th Conf. Virus Diseases of Vegetables, Praha, 150-153.
- WALTHER, U., A. HABEKUß, D. KOPAHNKE, G. PROESELER AND E. SCHLIEPHAKE (1997): Evaluation of IPK's barley germplasm for disease resistance. In: L. MAGGIONI, H. KNÜPFER, R. VON BOTHMER, M. AMBROSE UND K. HAMMER (EDS.): Report of a Working Group on Barley. Fifth Meeting. IPGRI, Rome (in press).

Landsorten der Linse - Von der Genbank über den Acker in den Magen

Landraces of lentil - from the genebank via the farmers field into the stomach

BERND HORNEBURG ¹ UND HEIKO C. BECKER ²

Die Linse (*Lens culinaris* Medik) ist in Europa nach Erbsen und Phaseolus-Bohnen die dritte wichtige Hülsenfrucht für die menschliche Ernährung. Durch die „moderne,, Landwirtschaft ist ihr Anbau in Deutschland fast erloschen. Im biologischen Anbau wächst aber das Interesse, und neben importiertem Saatgut sind noch Landsorten erhalten. Die Linse ist geeignet, modellhaft Möglichkeiten der Wiedereingliederung einer vernachlässigten Frucht in den Anbau zu untersuchen. Dabei soll die standortspezifische Weiterentwicklung von Landsorten beobachtet werden. Aus Genbankbeständen wurden 20 Landsorten aus Deutschland, Tschechien und Schweden 1996 vorvermehrt. 1997 wurden sie auf dem Versuchsgut der Universität Göttingen sowie einem biologisch-dynamischen Betrieb in Schönhagen/Thüringen angebaut. Weitere 57 europäische Sorten wurden in Göttingen gesichtet.

Die Variabilität der für den Anbau und die Vermarktung wichtigen Merkmale war groß. In Abbildung 1 sind die verschiedenen Habitustypen bei Beginn der Blüte dargestellt. Linsen unterschiedlichsten Aussehens, von schwarz über verschiedenfarbige Marmorierungen bis beige, wurden und werden genutzt. Im Sortenvergleich variierte der Blühbeginn um mehr als eine und die Reifezeit um zwei Wochen. Blühbeginn und Reifezeit waren nicht generell gekoppelt. Die Größe der Fiederblätter deutete auf die Samengröße hin - je kleiner desto feiner - aber der Ertrag und die Größe der Samen hingen nicht zusammen. (vergl. Abb. 2 und Abb. 3). Von zwanzig näher untersuchten Sorten wurden jeweils fünf Einzelpflanzennachkommenschaften angebaut. Schwerpunkte bei der Größe der Samen deuteten sich nach Abbildung 2 aber nicht an; ein weites Spektrum an Tausendkorngewicht war vorhanden.

Die Erträge ausgewählter Sorten am traditionellen Linsenstandort Schönhagen mit seinem steinigem Tonboden werden in Abbildung 3 mit denen auf dem Auenlehm bei Göttingen verglichen. Das Verhältnis von Stroh zu Samen entwickelte sich standortabhängig: Bei ähnlichem Gesamtertrag ernteten wir in Schönhagen deutlich mehr Linsen.

¹ Dreschflegel
Sämereien aus biologischem Anbau
Geismar Landstr. 30
37083 Göttingen

² Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen

Landsorten der Linsen - Von der Genbank über den Acker in den Magen

Die Perspektive für dieses Projekt ist eine enge Zusammenarbeit zwischen universitärer Forschung und Gruppen, die in der landwirtschaftlichen Praxis regional angepaßte Sorten züchten und vermehren. Verschiedene Sorten sollen auf verschiedenen Höfen über mehrere Jahre angebaut werden. Getestet werden soll, wie schnell und in welchem Maße sich die Landsorten standortspezifisch weiterentwickeln. Neben der Entwicklung unter natürlicher Auslese sollen verschiedene züchterische Methoden geprüft werden. Bei Erfolg können verbesserte Landsorten ihren Platz im Anbau finden.



Abb. 1: Verschiedene Habitustypen der Linse. Von links: Aufrecht (Schwarze Linse), halbaufrecht (Pisarecka Perla), ausladend (Gestreifte Linse),
Fig. 1: Different types of growth habit of lentil from left: upright (black lentil), intermediate (Pisarecka Perla), spreading (stiped lentil),

Landsorten der Linsen - Von der Genbank über den Acker in den Magen

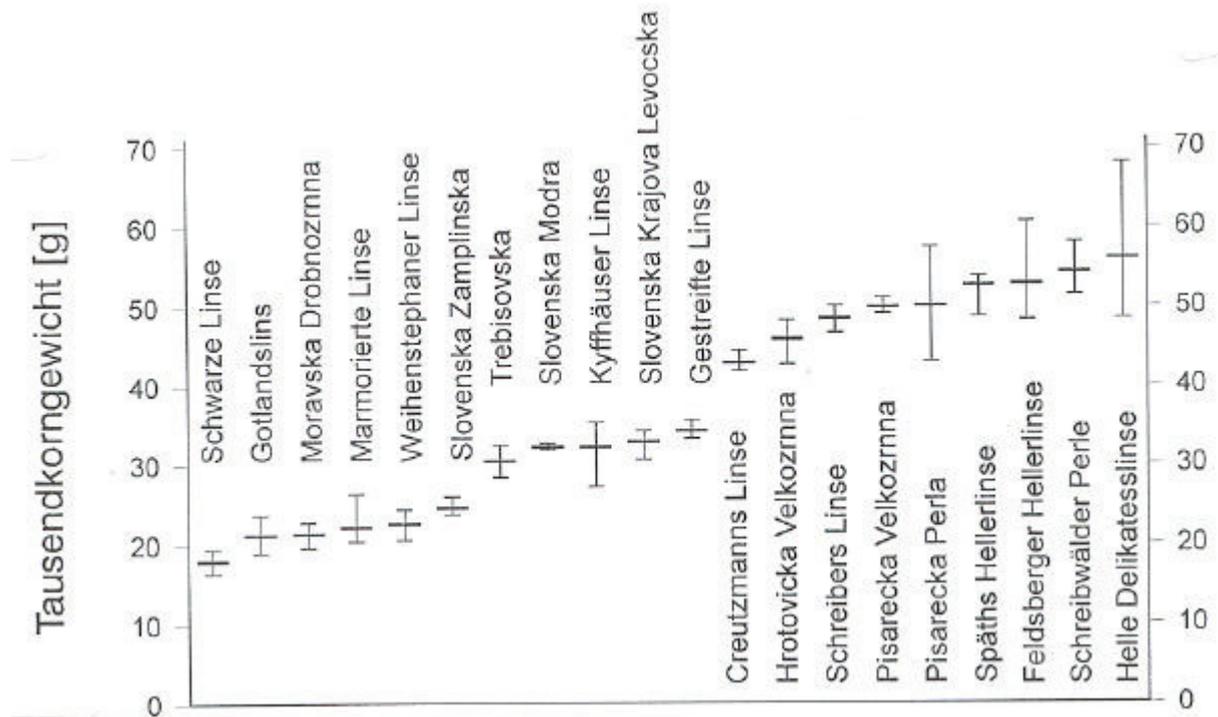


Abb. 2: Variation im Tausendkorngewicht von zwanzig Landsorten der Linse

Fig. 2: Variation of 1000 seed weight of 20 lentil landraces

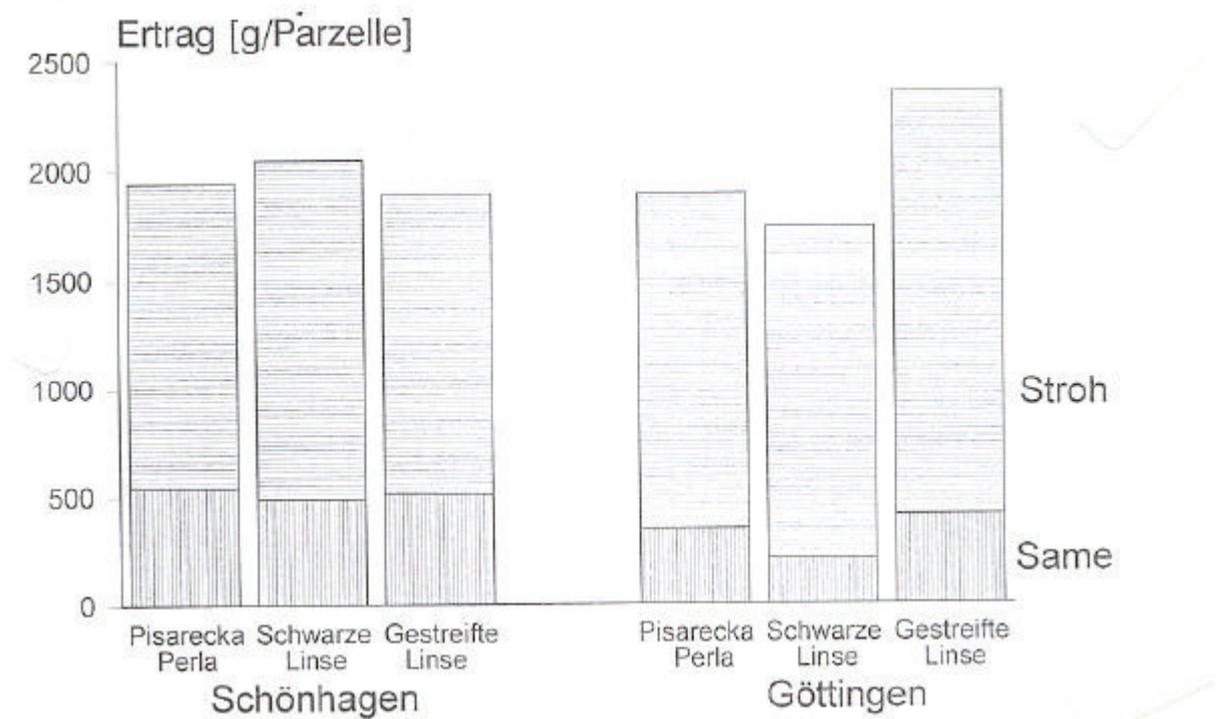


Abb. 3: Erträge ausgewählter Sorten in Göttingen und Schönhagen

Fig. 3: Yields of selected varieties in Göttingen and Schönhagen

Informationsangebote der Genbank im Internet

Information service of the genebank Gatersleben via Internet

HELMUT KNÜPFER¹, SIEGFRIED HARRER², JULIAN DANIEL JIMÉNEZ KRAUSE², LUIS LÓPEZ¹, UWE NEUBERT³, THOMAS NOWOTKA³ UND EVELYN WILLNER⁴

Einleitung

In der Genbank des Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben werden seit Mitte 1996 Internet-Informationsangebote erarbeitet. Da das IPK nicht über einen Unix-Datenbankserver mit internetfähiger Datenbanksoftware verfügt, bestehen bisher zwei Möglichkeiten, IPK-eigene Datenbanken für das Internet aufzubereiten:

1. Installation eines Datenbankservers auf einem PC,
2. Nutzung fremder Datenbankserver.

Der erste Weg wurde beim Paßportdaten-Recherchesystem der Genbank beschritten. Zwei Informatik-Studenten der Universität Leipzig führten von August bis Oktober 1996 sowie im Februar und März 1997 an der Genbank ein insgesamt viermonatiges Praktikum durch, während dessen sie eine PC-basierte Hardware- und Softwarelösung „Bereitstellung von Paßportdaten der Genbank im Internet“, erarbeiteten und implementierten (NEUBERT ET AL. 1996, NOWOTKA ET AL. 1996, KNÜPFER ET AL. 1997).

¹ Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben

² Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI)
Informationszentrum f. Genetische Ressourcen (IGR)
Villichgasse 17
53177 Bonn

³ Universität Leipzig,
Fakultät für Mathematik
Inst. für Informatik
Augustusplatz 10-11
04109 Leipzig

⁴ Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank/Außenstelle Malchow
23999 Malchow/Poel

Der zweite Weg wurde bei zwei „Central Crop Databases“, des European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks (ECP/GR) beschritten, die an der Genbank des IPK bearbeitet werden. Es handelt sich um die Europäische *Poa*-Datenbank (WILLNER UND KNÜPFER) und die Europäische Gersten-Datenbank (KNÜPFER UND LÓPEZ 1997). Die Datensammlung und -vereinheitlichung wurde am IPK durchgeführt. Die fertigen Datenbanken wurden an die Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (Jiménez Krause und Harrer) zur Internet-Einbindung übergeben. Hier wird das internetfähige Datenbanksystem BASIS auf einem leistungsfähigen Server betrieben. Die Aufgabe der ZADI liegt im Management von Informationsressourcen im Agrarbereich. Dazu werden mit leistungsfähigen Informations- und Kommunikationstechniken (z. B. Online-Datenbanken) jede Art von Agrarinformation über das Deutsche Agrarinformationsnetz (DAINet) im Internet verfügbar gemacht. Im Rahmen des ECP/GR ist die ZADI ein „Documentation Support Centre“, für die Internet-Aufbereitung von „Central Crop Databases“, (LIPMAN ET AL. 1997).

1 Paßportdaten der Genbank im Internet

Diese Datenbank wurde auf einem leistungsfähigen PC unter den Betriebssystemen Windows 3.11 bzw. Windows NT Server 4.0 und dem Datenbanksystem Visual FoxPro 3.0b Professional etabliert (KNÜPFER 1997). Eine Kopie der Paßportdaten der mehr als 80.000 Akzessionen der Genbank ist nach verschiedenen Kriterien recherchierbar. Die Eingangsseite hat die Internet-Adresse „<http://fox-serv.ipk-gatersleben.de>„. Basierend auf einer Analyse der Häufigkeiten der bisher an die Genbank gerichteten Anfragetypen, soweit sie sich mit den Paßportdaten allein beantworten lassen, werden drei Recherchemöglichkeiten angeboten:

1. nach vorgegebenen Sortimentsnummern,
2. nach vorgegebenen botanischen Namen oder Ursprungsländern bzw. nach einer Kombination beider,
3. nach bis zu vier frei kombinierbaren Suchkriterien („dynamische Anfrage,,).

Neben der sehr kompakten Anzeige der Suchergebnisse auf dem Bildschirm besteht die Möglichkeit, bis zu 20.000 Datensätze aus der aktuellen Recherche im DBF-Format auf den Rechner des Nutzers zur weiteren Bearbeitung herunterzuladen - diese Option gibt es bisher in keiner anderen Online-Datenbank pflanzengenetischer Ressourcen. Andere Systeme bieten bisher die Möglichkeit der Online-Recherche (z.B. das GRIN - Genetic Resources Information Network in den USA) bzw. die Download-Option für vordefinierte Portionen von Datensätzen, meist fruchtartenweise (z.B. die Genbank der Niederlande (CGN) in Wageningen, sowie das GRIN, bei dem ein eigenes Recherchesystem mitgeliefert wird).

Laut mitgeführter Server-Statistik erfolgten vom 14. März bis 11. September 1997 insgesamt 1447 Anfragen von 136 verschiedenen Nutzern, darunter 810 Anfragen von Nutzern außerhalb des IPK. Die durchschnittliche Suchzeit betrug 25,8 Sekunden. Die häufigste Anfrageart war die dynamische Anfrage (3), die 583 mal benutzt wurde, gefolgt von der Anfrage nach (2) botanischen Namen und/oder

Ursprungsländern (490 mal) und nach (1) Sortimentsnummern (249 mal). Die Hilfstabellen (Länder-Akronyme und Sortimentsnummern-Abkürzungen) wurden insgesamt 125 mal benutzt.

Durch die Verfügbarkeit der Paßportdaten der Genbank für externe Recherchen können die Nutzer gezielter die gewünschten Akzessionen aus der Genbank auswählen. Die Adresse des Genbank-Servers ist inzwischen in mehrere international geführte Übersichten von Datenbanken zu pflanzengenetischen Ressourcen bzw. zur Botanik aufgenommen worden.

2 Europäische Gersten-Datenbank des ECP/GR

Diese Datenbank wird an der Genbank seit Mitte der 80er Jahre bearbeitet. Gegenwärtig erfolgt die Aktualisierung (KNÜPFER UND LÓPEZ). Bisher (Stand 24. 9. 1997) wurden 88.996 Akzessionen aus 29 europäischen Genbanken in die Datenbank integriert, die 23 europäische Länder sowie Israel vertreten (KNÜPFER UND LÓPEZ 1997). Von weiteren Instituten liegen Daten vor, die noch nicht integriert wurden, weil noch Rückfragen zu klären sind.

Im Juni 1997 wurde anlässlich eines ECP/GR-Workshops „European Central Crop Databases - Online Databases Training Workshop,, in Bonn ein Prototyp der Europäischen Gersten-Datenbank mit mehr als 23.000 Datensätzen für das Internet aufbereitet (Jiménez Krause und Harrer). Hierfür wird das Datenbanksystem BASIS verwendet. Die Homepage ist im Internet unter „<http://www.dainet.de/eccdb/barley>,, zu finden. Es gibt verschiedene Suchoptionen. Die Aktualisierung der Internet-Version ist nach Einbeziehung aller vorhandener Datenbestände für Ende 1997 vorgesehen. Dabei soll unter anderem auch das Erscheinungsbild der Suchergebnisse verbessert werden.

3 Europäische *Poa*-Datenbank des ECP/GR

Diese Datenbank wurde früher durch L. Seidewitz an der Genbank Braunschweig bearbeitet und 1995 an die Genbank-Außenstelle Malchow übergeben. Anlässlich der Tagung der Futterpflanzen-Arbeitsgruppe des ECP/GR im März 1997 wurde die Datenbank aktualisiert (Willner und Knüpfer) und für das Internet aufbereitet (Jiménez Krause und Harrer). Sie enthält 2636 Datensätze aus 12 Genbanken in 9 Ländern. Die Eingangsseite hat die Internet-Adresse „<http://www.dainet.de/eccdb/poa/>,,. Das Erscheinungsbild und die Suchmöglichkeiten entsprechen der oben genannten Gersten-Datenbank.

Beide genannten ECP/GR-Datenbanken sind auch über die Eingangsseite des ECP/GR (<http://www.cgiar.org/ecpgr/>) erreichbar, die auch Links zu weiteren „Central Crop Databases,, für andere Kulturpflanzengruppen bietet.

4 Ausblick

Die Bereitstellung von Daten pflanzengenetischer Ressourcen im Internet ist eine neue Möglichkeit, dem Nutzer einen besseren Zugriff auf die Informationen zu geben. Damit kann die Auswahl der aus den Genbanken angeforderten Akzessionen gezielter erfolgen. Die bisherigen Datenangebote, in die die Genbank des IPK involviert ist, beziehen sich allerdings nur auf Paßportdaten. Für Züchter und Wissenschaftler, die mit Genbankmaterial arbeiten wollen, ist jedoch die Verfügbarkeit von Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten gleichermaßen von Interesse. Aus diesem Grund wird seit 1996 das BML-finanzierte Verbundprojekt EVA (Aufbau eines Informationssystems für Evaluierungsdaten pflanzengenetischer Ressourcen) bearbeitet, in dessen Rahmen dem IPK die Aufgabe zukommt, vorhandene Evaluierungsdaten der Gerste EDV-gerecht zu erfassen, um sie gemeinsam mit der ZADI in ein Informationssystem zu integrieren, das über das Internet abfragbar ist (<http://www.dainet.de/genres/eva/>). Ein weiteres, vom BMBF gefördertes Verbundprojekt „Bundesinformationssystem Genetische Ressourcen,, an dem unter anderem das IPK und die ZADI beteiligt sind, wurde kürzlich bewilligt. Es ist komplementär zu EVA und zielt auf die Integration relevanter Daten zu pflanzengenetischen Ressourcen aus verschiedenen Quellen in ein verteiltes, Internetbasiertes Informationssystem ab.

Über die Eingangsseite des vom Informationszentrum für Genetische Ressourcen (IGR) der ZADI bearbeiteten Informationszentrum für Genetische Ressourcen (GENRES) unter der Adresse „<http://www.genres.de>„ ist eine weitere Datenbank erreichbar, an der die Genbank des IPK beteiligt ist: PGRDEU-Online (Datenbank der pflanzengenetischen Ressourcen in Deutschland); eine Übersicht über Bestände der Genbanksammlungen zur deutschen Flora und zu Wildpflanzen mit aktueller oder potentieller Nutzung. Die Datenbank „Artenblätter-Sammlung Prof. Stählin,, enthält von Prof. Dr. A. Stählin zusammengetragene und von Frau Dr. Stählin erfaßte Daten weltweit genutzter Arten der *Gymnospermae* und *Angiospermae*. Die zugehörige Samensammlung wird in der Abteilung Taxonomie des IPK aufbewahrt.

5 Literatur

- KNÜPFER, H. (1997): Options and approaches to provide online access to databases. Part III. FoxPro online databases on an institution server. In: Report, European Central Crop Databases (ECCDB) Online Databases Training Workshop, Bonn, Germany, 8-10 June 1997. In press.
- KNÜPFER, H. AND L. LÓPEZ (1997): Status Report on the European Barley Database (EBDB). In: MAGGIONI, L., H. KNÜPFER, R. VON BOTHMER, M. AMBROSE AND K. HAMMER (EDS.), Report of a Working Group on Barley, Fifth meeting, Alterode/Gatersleben, Germany, 10-12 July 1997. In press.
- KNÜPFER, H., T. NOWOTKA UND U. NEUBERT (1997): Abfragen von FoxPro-Datenbanken über das Internet. Beispiellösung für die Paßportdaten der Genbank des IPK Gatersleben. Abschlußbericht für den Zeitraum 17. 2. bis 21. 3. 1997. IPK Gatersleben. 7 S. Unveröffentlicht.

- LIPMAN, E., M. W. M. JONGEN, TH. J. L. VAN HINTUM, T. GASS AND L. MAGGIONI (EDS.), (1997):
Central Crop Databases: Tools for Plant Genetic Resources Management. IPGRI Rome; CGN
Wageningen, 100 pp.
- NEUBERT, U., T. NOWOTKA UND H. KNÜPFER (1996): Installations- und Bedienungsanleitung für den
FoxPro-WWW-Datenbankserver, erstellt im Rahmen des Praktikums „Bereitstellung von
Paßportdaten der Genbank im Internet,, 12. 8. bis 11. 10. 1996. IPK Gatersleben. 15 S.
Unveröffentlicht.
- NOWOTKA, T., U. NEUBERT UND H. KNÜPFER (1996): Abfragen von FoxPro-Datenbanken über das
Internet. Beispiellösung für die Paßportdaten der Genbank des IPK Gatersleben. Abschlußbericht
für den Zeitraum 12. 8. bis 11. 10. 1996. IPK Gatersleben. 39 S. Unveröffentlicht.

Genetic diversity and evolution of the diploid wheat *T. urartu*, *T. boeoticum* and *T. monococcum* revealed by microsatellite markers

VICTOR N. KORZUN¹, MARION S. RÖDER¹, MARTIN W. GANAL¹, KARL HAMMER¹ AND ANNA A. FILATENKO²

Introduction

Wheat (*Triticum* L.) was one of the earliest crops to be domesticated in the Fertile Crescent, an area encompassing Israel, Jordan, Syria, Turkey, Iraq and Iran recognized as the source of vast genetic diversity of this crop. The genus *Triticum* comprises four main distinct groups: diploid wheats ($2n=2x=14$, nuclear genome AA), tetraploid wheats ($2n=4x=28$, AABB), timopheevi wheats ($2n=4x=28$, AAGG and $2n=6x=42$, AAAAGG), and hexaploid wheats ($2n=6x=42$, AABBDD). Diploid wheats comprise three species: *T. urartu* Thum. ex Gandil., *T. boeoticum* Boiss. em. Schiem. and *T. monococcum* L., the first two of which are wild and the last the cultivated form. All these species have identical nuclear genomes homologous to the A-genome of polyploid wheats (KIYHARA 1924). However, the hybrids between *T. urartu* and *T. boeoticum* are sterile. *T. monococcum* was assumed to be the donor of the A-genome of polyploid wheats (KIYHARA 1924), but recent evidence indicates that the source of the A-genome of durum wheat, timopheevi wheat and bread wheat was *T. urartu* (DVORAK ET AL. 1988, 1993). Microsatellites or simple sequence repeat (SSR) have become the support of genetic linkage mapping efforts.

We have also previously used microsatellite markers for genetical and physical mapping the genes in wheat (KORZUN ET AL. 1997a; RÖDER ET AL. 1997; KORZUN ET AL. 1997c) and for testing the authenticity of genetic stocks (KORZUN ET AL. 1997b).

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

² N.I. Vavilov Research Institute for Plant Industry
Bolshaya Morskaya Str. 44
190000 St. Petersburg, Russia

1 Plant material and DNA isolation

One, 21, 26 and 28 accessions of *Triticum aestivum*, *Triticum urartu*, *Triticum monococcum* and *Triticum boeoticum*, respectively, derived from the Genebank of the Institute for Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany were analysed (HAMMER 1993).

2 Results and discussion

2.1 Wheat microsatellites in diploid wheat

In total 399 alleles were detected with 25 microsatellites, distributed throughout the A-genome of bread wheat. The number of alleles detected per microsatellite markers ranged from 7 (WMS334 and WMS601) to 34 (WMS427), with an average of 16 alleles per locus. The most polymorphic microsatellite was WMS 427 with 34 alleles. The sizes of the 31 alleles observed ranged from 109 to 247 base pairs (bp), with a difference of two base pairs. Out of 30 wheat microsatellites tested, 25 (87%) amplified with DNA of *T. urartu* and 20 (66%) with *T. monococcum* and *T. boeoticum*. In contrast, only 42.5% of wheat microsatellites produced amplification products in *Aegilops markgrafii* lines (PEIL ET AL. 1997), 7-8 % amplified in rye and 3-4% in barley (KORZUN AND RÖDER unpublished results).

2.2 Genetic Diversity

A dendrogram was generated by using a cluster analysis (UPGMA) and separated all except for four accessions of *T. urartu*, which originated from Lebanon. As expected, in the dendrogram the accessions were grouped according to species and six major groups can be distinguished. *T. monococcum* (2212 - 2006) is more closely related to *T. boeoticum* (17164 - 17116) than to *T. urartu* (17118 - 17162), and *T. aestivum* is more closely related to *T. urartu* than to the other Einkorn species (in agreement with DOROFEEV ET AL. 1979)). *T. monococcum* convar. *sinskajae* (12910 and 14732) has been found as a spontaneous mutation in an accession of *T. monococcum* from Turkey (DOROFEEV ET AL. 1979). The position of these accessions within *T. monococcum* confirm this information.

A few accessions of *T. urartu* have been placed among *T. boeoticum* and vice versa, because of misclassifications or mistakes in the database. All of them have now been re-classified by the use of microsatellites as could be verified by a new determination. As both of the species are rather similar in their morphological characters, the microsatellite approach provides a new tool for correctly classifying these species.

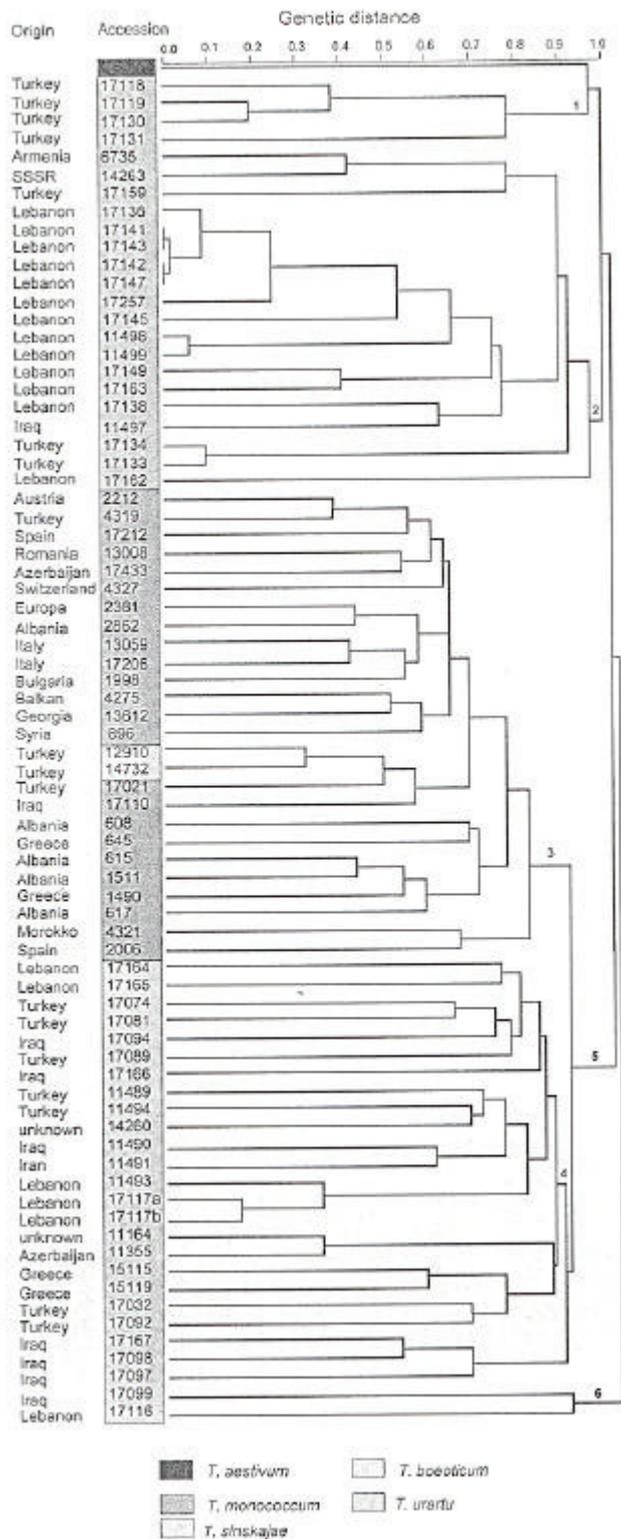


Abb. 1: Dendrogramm verschiedener Weizen-Akzessionen

Fig. 1: Dendrogram of different wheat accessions

3 Acknowledgements

The authors thank Dr. H. Knüpffer for information about the origin of accessions used in this study and Katja Wendehake for her excellent technical assistance. This research was supported by a grant from the Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG, Ro 1055/1-2).

4 References

- DOROFEEV, V.F., A.A. FILATENKO, E.F.MIGUSOVA, R.A.UDACIN AND M.M. JAKUBCINER (1979): Wheat. Flora of Cultivated Plants (Russ.). 'Kolos', Leningrad.
- DVORAK, J., P.E. MCGUIRE, AND B. CASSIDY (1988): Apparent sources of the A genomes of wheats inferred from the polymorphism in abundance and restriction fragment length of repeated nucleotide sequences. *Genome* **30**, 680-689.
- DVORAK, J., P.D. TERLIZZI, H.B. ZHANG AND P. RESTA (1993): The evolution of polyploid wheats: identification of the A genome donor species. *Genome* **36**, 21-31.
- HAMMER, K. (1993): The 50th anniversary of the Gatersleben genebank. *FAO / IBPGR Plant Genetic Resources Newsl* **91/92**, 1-8.
- KIHARA (1924): Cytologische und genetische Studien bei wichtigen Getreidearten mit besonderer Rücksicht auf das Verhalten der Chromosomen und die Sterilität in den Bastarde. *Mem Coll Sci Kyoto Imp Univ Series B* **1**, 1-200.
- KORZUN, V., M. RÖDER, A.J. WORLAND AND A. BÖRNER (1997A): Mapping of the dwarfing (*Rht12*) and vernalisation response (*Vrn1*) genes in wheat by using RFLP and microsatellite markers. *Plant Breeding* **116**, 227-232.
- KORZUN, V., A. BÖRNER, A.J. WORLAND, C.N. LAW AND M.S. RÖDER (1997b): Application of microsatellite markers to distinguish inter-varietal chromosome substitution lines of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* **95**, 149-155.
- KORZUN, V., M.S. RÖDER, M.W. GANAL, A.J. WORLAND AND C.N. LAW (1997c): Genetic analysis of the dwarfing gene (*Rht8*) in wheat. Part I. Molecular mapping of the *Rht8* on the short arm of chromosome 2D of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* submitted.
- PEIL, A., V. KORZUN, V. SCHUBERT, E. SCHUMANN, W.E. WEBER AND M.S. RÖDER (1997): Application of wheat microsatellites to disomic *Triticum aestivum* - *Aegilops markgrafii* addition lines. *Theor Appl Genet* in press.
- RÖDER, M.S., V. KORZUN, B.S. GILL AND M.W.GANAL (1997): The physical mapping of microsatellite markers in wheat *Genome* (in press).

Multiple Resistenz in *Brassicaceen* aus der Gaterslebener Genbank gegen Turnip mosaic potyvirus (TuMV), *Alternaria*, *Plasmodiophora* und *Phoma*

Multiple resistance in Brassicaceae at the gene bank Gatersleben against Turnip mosaic potyvirus (TuMV), Alternaria, Plasmodiophora and Phoma

R. KRÄMER¹, P. SCHOLZE¹ UND K. HAMMER²

Summary

Resistance to pathogens is the most important means of disease control. The genetic variability in the germplasm gene banks is the basis for new sources of resistance. In the *Brassicaceae* accessions conserved at the genebank Gatersleben there were found *Brassica* accessions with resistance to two or more pathogens. Especially in one *B. rapa* form multiple resistance to Turnip mosaic virus, *Alternaria brassicicola*, *Plasmodiophora brassicae* and *Phoma lingam* was demonstrated. For the transfer of the new resistance into cabbage, *B. oleracea*, conventional breeding methods in combination with *in-vitro* techniques including somatic hybridization are used.

Virus- und Pilzkrankheiten können beim Kohlgemüse (*Brassica oleracea*) Qualitätsminderungen und Ertragsverluste verursachen. Die biotische Resistenz gegen diese Pathogene, in einer Pflanze kombiniert auch als multiple Resistenz bezeichnet, ist ökologisch wie ökonomisch eine effiziente Möglichkeit, Krankheiten zu kontrollieren. Pflanzenmaterial in Genbanken mit einer vergleichsweise breiten genetischen Variabilität stellt eine wesentliche Basis für neue Resistenzen dar.

Mit dem Ziel, multiple Pathogenresistenz in Kohlgemüse zu etablieren, wurde im *Brassicaceen*-Sortiment der Gaterslebener Genbank nach neuen Resistenzquellen gesucht. Durch Nutzung weiterentwickelter Prüfmethode wurde eine Reihe unterschiedlicher Herkünfte und Formen aus der Familie der *Brassicaceae* auf Resistenz gegen das Turnip mosaic potyvirus (TuMV; KohlSchwarzringfleckigkeit), gegen die pilzlichen Blattfleckenreger *Alternaria brassicae*,

¹ Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzenzüchtung
Neuer Weg 22/23
06484 Quedlinburg

² Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben

Multiple Resistenz in *Brassicaceen* aus der Gaterslebener Genbank

A.brassicicola, *Phoma lingam* und gegen *Plasmodiophora brassicae*, den Erreger der Kohlhernie, sukzessive evaluiert. Als Kriterien zur Resistenzbewertung dienten die Symptombonitur (Krankheitsindex) sowie bei der Virusresistenzprüfung die postinfektionelle Viruskonzentration in den Pflanzen (DAS-ELISA).

Die Resultate der Resistenzevaluierungen ausgewählter *Brassicaceen* sind in Tabelle 1 zusammengefaßt. In den einzelnen *Brassica*-Formen konnten in unterschiedlichen Kombinationen Resistenzen gegen das TuMV und die pilzlichen Pathogene nachgewiesen werden.

Der Transfer der Resistenz in Kulturformen von *B. oleracea* erfolgt entweder auf konventionellem Wege (sexuelle Rekombination) und/oder, um im Falle eines weitentfernten Verwandtschaftsgrades die in der Regel stark entwickelte Kreuzungsinkompatibilität der Hybridisierungspartner zu umgehen, durch den Einsatz biotechnologischer Verfahren sowie der somatischen Zellhybridisierung (Protoplastenfusion). Im weiteren werden für die Entwicklung von Basismaterial für die Züchtung *Prebreeding*-Zyklen zur genetischen und epidemiologischen Stabilisierung der Vererbung durchgeführt.

Tab. 1: Multiple Resistenz in *Brassicaceen* aus der Genbank GaterslebenTab. 1: Multiple resistance in *Brassicaceae* accessions at the genebank Gatersleben

<i>Brassica</i> -Formen	Pathogene				
	TuMV ¹⁾	Aa ²⁾	Aae ³⁾	Plas. ⁴⁾	Pho. ⁵⁾
<i>B.rapa</i>					
BRA 917/ 86	r	a	r	r	r
Kalrot Ostgöta II	a	a	r	r	r
BRA 1015/79	a	a	r	r	r
BRA 1019/84	a	a	r	r	r
BRA 1115/82	-	a	r	r	r
BRA 243/81	a	a	r	r	r
<i>B.napus var.napobrassica</i>					
Kohlrübe Gry	a	a	r	r	r
BRA 179/80	a	a	r	r	r
<i>Camelina sativa</i>					
29/78	a	r	r	a	r
<i>B.rapa ssp.pekinensis</i>					
Chiko 'Marquis'	a	a	r	r	r
Chiko 'Shinki'	a	a	r	r	r
Chiko 'Chorus'	a	a	r	r	r
<i>B. oleracea</i>					
BRA 221/83 'DW.Sib.'	a	a	-	r	r
BRA 491/80 'West.Grove'	a	a	-	r	r
BRA 1497/89 'Zierk.Rot'	a	a	-	r	r
<i>Raphanus sativus</i>					
RA 55/89	r	a	a	r	a
RA 119/77 'Rota'	r	a	a	r	a
RA 122/77	r	a	a	r	a
RA 130/89 '6202'	r	a	a	r	a
RA 163/89 'Cerveny'	r	a	a	r	a
RA 165/76 'Sofijsk.Pre'	r	a	a	r	a
RA 184/88 'Saska 2'	r	a	a	r	a
RA 189/88 'Turn. Globe'	r	a	a	r	a

1) -Turnip mosaic potyvirus

2) -*Alternaria brassicicola*3) -*Alternaria brassicae*4) -*Plasmodiophora brassicae*5) -*Phoma lingam*

r = resistant

a = anfällig

Prüfung genetischer Ressourcen zur Erschließung neuer Resistenzquellen bei Roggen (*Secale cereale* L.)

*Evaluation of genetic resources for the exploitation of new sources of resistance in rye (*Secale cereale* L.)*

STEFFEN ROUX¹

Zusammenfassung

Die Resistenzzüchtung stellt eine bedeutende Möglichkeit zur Erhöhung der Ertragsstabilität und zur Verminderung des Fungizideinsatzes im Getreideanbau dar. Die Erschließung neuer Resistenzquellen ist aufgrund der mit der Variabilität bedeutender Schaderreger verbundenen Gefahr der Überwindung vorhandener Resistenzen fortlaufend notwendig. Die Nutzung unadaptierter genetischer Ressourcen kann hierbei einen wichtigen Beitrag leisten. In den dargestellten Untersuchungen wurden bei Roggen (*Secale cereale* L.) umfangreiche Genbanksortimente auf Resistenzen gegen Braunrost (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*), Schwarzrost (*Puccinia graminis* ssp. *graminis* f. sp. *secalis*), *Rhynchosporium*-Blattfleckenkrankheit (*Rhynchosporium secalis*) und Mehltau (*Erysiphe graminis* f. sp. *secalis*) überprüft.

Summary

These studies aim at the evaluation of non-adapted accessions and subsequent transfer of valuable traits from selected accessions into basic breeding material. A total number of more than 250 accessions from different genebank collections were tested for resistances to leaf rust (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*) under a high natural infection pressure. Among them, 8 populations were selected, which displayed no or very little leaf rust symptoms. The major part (about 180) of these accessions were additionally screened for resistances to stem rust (*Puccinia graminis* ssp. *graminis* f. sp. *secalis*), scald (*Rhynchosporium secalis*) and powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *secalis*). This investigation revealed 3 populations exhibiting little to medium symptoms of stem rust and 8 with little scald symptoms. The infestation of the standard variety („Motto“) with these fungi was strong.

¹ Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen
Institutsplatz
18190 Groß Lüsewitz

1 Material und Methoden

Versuch I:

Im Anbaujahr 1996 wurde bei 66 Genbank-Akzessionen vorwiegend osteuropäischer Herkunft in einer Eigenleistungsprüfung (Mikroparzellen, 1,5 m²; Dünnsaat) in Groß Lüsewitz der Befall mit Braunrost unter natürlichem Infektionsdruck im Vergleich zur Standardsorte „Motto“ erfaßt (Boniturschema MIEDANER UND SPERLING, 1995).

Versuch II:

Im Anbaujahr 1997 wurden weitere 188 Genbankherkünfte einer Eigenleistungsprüfung (s. Versuch I) unterzogen. Hierbei wurde der Befall mit Braunrost und Schwarzrost (Boniturschema MIEDANER UND SPERLING, 1995), *Rhynchosporium*-Blattfleckenkrankheit (Boniturschema modifiziert nach JACKSON UND WEBSTER 1976) und Mehltau (Boniturschema modifiziert nach KOCH 1987) unter natürlichem Infektionsdruck im Vergleich zur Standardsorte „Motto“ festgestellt. Zur Erfassung der Lageranfälligkeit (Bonitur 1-9) wurde bei 109 der untersuchten Herkünfte eine Mikroprüfung (1,5 m²) in NormalSaatstärke durchgeführt. In beiden Prüfungen erfolgte außerdem eine Bonitur des allgemeinen Feldeindrucks (AFE, Bonitur 1-9), wobei vorwiegend Ährenmerkmale (Schartigkeit, Form, Dichte usw.) berücksichtigt wurden.

2 Ergebnisse und Diskussion

In den Versuchen I und II konnten insgesamt 8 Genbank-Herkünfte selektiert werden, die einen nur geringen oder keinen Braunrostbefall zeigten. Der in beiden Jahren einheitlich mittelstarke Befall der als wenig anfällig bekannten Standardsorte „Motto“ unterstreicht hingegen den hohen natürlichen Infektionsdruck. Die Qualität dieser potentiellen Resistenzquellen muß durch weitere Prüfungen bestätigt werden. In Ergänzung zu Feldprüfungen sollen *In-situ*-Frühtests mit definiertem Erregermaterial durchgeführt werden, um auch Aussagen über Rassenspezifitäten der gefundenen Resistenzgene zu ermöglichen. Neben einer weiteren Charakterisierung der Resistenzgene wird an ihrer Einlagerung in züchterisch wertvolles, selbstfertiles Material gearbeitet, um sie der praktischen Züchtung zugänglich zu machen.

Neben den ermutigenden Ergebnissen bei der Erschließung von Resistenzquellen gegen die derzeit bedeutendste Roggenkrankheit, den Braunrost, konnte zwischen den untersuchten Genbank-Akzessionen eine hohe Variabilität der Anfälligkeit gegen Schwarzrost, *Rhynchosporium*-Blattfleckenkrankheit und Mehltau beobachtet werden. Insgesamt zeigten 3 Populationen einen geringen Schwarzrost- und 8 Populationen einen geringen *Rhynchosporium*-Blattfleckenkrankheitsbefall, bei jeweils einheitlich mittlerem bis starkem Befall der Standardsorte „Motto“. Diese Populationen könnten potentielle Resistenzquellen gegen diese in den letzten Jahren an Bedeutung gewinnenden Krankheiten darstellen. Trotz des 1997 verhältnismäßig geringen natürlichen Infektionsdrucks (Standardsorte „Motto“) zeigte sich auch im Mehltaubefall eine deutliche

Differenzierung zwischen den Populationen. Über die weitere Nutzung der hierbei befallsfreien Populationen ($n = 17$) sollte eine weitere Prüfung entscheiden. Ein Großteil der in Versuch II geprüften Genbankherkünfte zeigte eine hohe Lageranfälligkeit und erhebliche Mängel in wichtigen Ährenmerkmalen. Diese und weitere Mängel in bedeutenden agronomischen Merkmalen werden eine direkte Nutzung nicht-adaptierter genetischer Ressourcen in der Pflanzenzüchtung in den meisten Fällen verhindern.

3 Literatur

- JACKSON, L. F. AND R. K. WEBSTER (1976): Race differentiation, distribution, and frequency of *Rhynchosporium secalis* in California. *Phytopathology* **66**, 719-725.
- MIEDANER, T. AND U. SPERLING (1995): Effect of leaf rust on yield components of winter rye hybrids and assessment of quantitative resistance. *J. Phytopathology* **143**, 725-730.
- KOCH, R. J. (1987): Quantitativ-genetische Untersuchungen zur Vererbung der Mehltaresistenz bei Winterroggen. Dissertation, Universität Hohenheim, Stuttgart.

Potential of wild barley (*H. spontaneum*) for improving quantitative traits in cultivated barley (*H. vulgare*) through backcrossing

JOHANNES SCHACHT¹ AND JENS LÉON¹

Summary

Accessions of *H. vulgare* and *H. spontaneum* have been crossed in an incomplete factorial design, backcross populations have been evaluated for various traits. Theoretically, the population means should follow a linear function on the percentage of the recurrent parents germplasm in the absence of epistasis. Deviations from theoretical expectations were observed for all traits, except for plant height and reproductive growth rate. Transgressive segregation can be observed for grain yield and other traits of agronomical importance in BC2. Superior lines are generally vigorous, they have higher biomass and growth rates. Useful alleles have been contributed from all *H. spontaneum* lines.

1 Introduction

Decreasing genetic variability within the cultivated gene pools of crop species is a phenomenon of contemporary agricultural systems. Therefore genetic resources gain increasing importance in plant breeding programmes. So far it has mostly been qualitative inherited characters (e.g. pest resistance) breeders have been interested in when using exotic germplasm. Own investigations (LÉON AND GEISLER 1992) showed deficiency in genetic variability between modern barley varieties for several quantitative traits (e.g. growth rates and growth durations). It is reported that wild progenitors of cultivated species exhibit variation in various traits like biomass production, growth rates, number of spikelets etc. (NEVO ET AL. 1992). When considering interspecific crosses between *H. spontaneum* and *H. vulgare* 2-4 backcrosses with the adapted *vulgare* parent are necessary due to the high frequency of undesired alleles which does not allow effective selection under field conditions (RODGERS 1982 and COX ET AL. 1984).

2 Material and method/experimental procedures

Ten modern and randomly chosen *H. vulgare* cultivars have been crossed to ten randomly chosen *H. spontaneum* accessions from the fertile descendents in an incomplete factorial mating design. Each

¹ Universität Bonn
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Katzenburgweg 5
53115 Bonn

vulgare parent has been crossed to three different spontaneum parents and vice versa. BCGF1 -plants served for both, producing backcross generations and producing progenies through single seed descent. When producing backcross generations the number of F1 -plants backcrossed to the recurrent vulgare parent was doubled with each backcross generation in order to minimize genetic drift. Thirty F2 -derived lines of each combination in three backcross generations and both parental groups were evaluated in a field trial at Hohenschulen, Northwest Germany. At three growth stages (EC 25, 65 and 92 respectively) above ground dry matter accumulation was recorded in order to estimate growth rates and duration. Yield and yield components have been investigated.

3 Results

Means of backcross generations (BC0, BC1 and BC2) differ significantly from *H. vulgare* and *H. spontaneum* means. *H. spontaneum* is clearly inferior to *H. vulgare* in the agronomical sense for most of the observed traits (tab. 1). *H. vulgare* has a higher grain yield, harvest index, thousandseedweight, number of kernels per ear and per plant, reproductive growth rate index and duration, but less biomass, crop growth rate index, plant height, dry matter at heading, vegetative growth rate index, straw yield, no. of ears per plant and an earlier heading date. Depending on which parent has the higher value for any of the traits the progeny mean should increase or decrease linearly with the percentage of cultivated germplasm in the population, if epistatic gene action and genetic drift could be excluded. It can be illustrated, that only reproductive growth rate index and plant height fit the theoretical expectations very well, other traits do not fit at all (growth duration) or in single backcross generations (most of the traits). Some traits even surpass both of the parental means (e.g. biomass, dry matter at heading, heading date, crop growth rate index). Deviations from theoretical expectation decline with backcrossing. Because genetic drift should be rather low, due to the experimental design, epistatic effects may cause this phenomenon. Transgressive segregation could be observed in both field trials (1994/1995). Though there was no combination with a high percentage of transgressive segregates in both years. Superior lines are generally vigorous, they have higher biomass, crop growth rate index and reproductive growth rate index. While most of transgressive segregates have more kernels per ear and more ears per plant there was no clear trend over the different combinations or over wild or cultivated parent for thousandseedweight. Harvest index was generally lower in most of the combinations.

Further objectives of this project will be

- to find an empirical verification of the theoretical expectations for variances and means as a basis for reliable predictions in breeding programmes,
- to evaluate general and specific combining ability for both, *H. vulgare* and *H. spontaneum* parents in late backcross generations,
- to evaluate molecular markers (AFLP) for determination of genetic distances and to compare them with the empirically derived genetical variances in progenies of interspecific matings.

Tab. 1: Backcross generation means of progenies derived from an incomplete factorial mating design of *H. vulgare* and *H. spontaneum* compared to the means of both parental groups and to theoretical expectations. Results from a field trial at Hohenschulen, Northwestern Germany (1994/1995)

trait		wild parent	BC0	BC1	BC2	cultivated parent
grain yield	(g)	0,40 c ¹	1,27 b	1,98 a	2,08 a	2,12 a
straw yield	(g)	4,00 a	2,27 b	2,35 b	2,18 b	1,84 c
ears per plant	(no.)	3,25 a	3,13 b	3,24 a	3,05 b	2,82 b
kernels per ear	(no.)	3,93 e	9,72 d	14,73 c	16,29 b	18,03 a
kernels per plant	(no.)	12,50 d	30,05 c	46,99 b	49,10 ab	50,42 a
1000 seed weight	(g)	31,25 b	41,76 a	42,06 a	42,56 a	42,23 a
harvest index		0,09 e	0,34 d	0,46 c	0,49 b	0,54 a
biomass	(g)	4,40 a	3,53 c	4,32 a	4,26 a	3,96 b
dry matter heading	(g)	3,85 a	2,03 b	2,29 b	2,33 b	2,11 b
crop growth rate	(mg/GDD)	3,83 a	3,18 b	3,79 a	3,76 a	3,56 a
veget. growth rate	(mg/GDD)	5,97 a	4,00 c	4,45 b	4,48 b	3,94 c
reprod. growth rate	(mg/GDD)	0,81 e	2,12 d	3,18 c	3,41 b	3,70 a
veget. growth duration	(GDD)	646 a	502 c	511 c	517 c	534 b
reprod. Growth duration	(GDD)	498 c	616 a	629 a	615 a	578 b
plant height	(cm)	92,32 a	77,99 b	73,87 bc	72,28 c	71,53 c

1 means with different letters are significantly different according to Student-Newman-Keuls multiple T-test (p=0.05).

heavy type shows significant differences of backcross generation means to theoretical expectations (p=0.05).

4 References

- COX, T.S. (1984): Expectations of means and genetic variances in backcross populations. TAG **68**; 35-41.
- COX, T.S., L.R. HOUSE AND K.J. FREY (1984): Potential of wild germplasm for increasing yield of grain sorghum. Euphytica **33**; 673-684.
- HADJICHRISTODOULOU, A. (1995): Evaluation of barley landraces and selections from natural outcrosses of *H. vulgare* ssp. *spontaneum* with ssp. *vulgare* for breeding in semi-arid areas. Genetic Resources and Crop Evolution **42**; **1**, 83-89.
- LÉON, J. AND G.GEISLER (1992): Crop Growth Rates and Durations of spring barley cultivars as affected by varied N supply and seeding rates. J. Agronomy and Crop Science, **169**; 1-8.
- NEVO, E., 1992: Origin, evolution, population genetics and resources for breeding of wild barley, *H. spontaneum*, in the fertile crescent. In: SHEWRY, P.R. (ED.), 1992: Barley: genetics, biochemistry, molecular biology and biotechnology. C.A.B. International., 19-43.
- RODGERS, D.M. (1982): Improvement of cultivated barley (*Hordeum vulgare*) with germplasm introgressed from *H. spontaneum*. PhD Dissertation. Iowa State University, Ames Iowa. University Microfilm No 82-21223.
- VETELAINEN, M. (1994): Exotic barley germplasm: variation and effects on agronomic traits in complex crosses. Euphytica **79**; **1-2**, 127-136.

Aufbau einer virusfreien *In-vitro*-Genbank von *Allium sativum* - Ergebnisse der Meristemkultur

Establishment of a virus-free genebank of Allium sativum - results of meristem-tip culture

ANGELIKA SENULA¹, JOACHIM KELLER¹ UND ANTJE SCHIERHOLT²

Summary

Meristem-tip cultures of 51 garlic accessions were established to obtain virus free plants. Meristem tips were excised from garlic bulbils. They were put on various culture mediums, with and without hormones. Meristem tips had a size of 0.2 - 0.6 mm. Plants regenerated out of 20 percent of the cultivated meristems. *In-vitro* cultures could be established out of 49 accessions. Until now, 40 accessions (80 %) have been screened for virus elimination using the ELISA-technique (DAS, TAS, PTA).

We tested the plant material towards the presence of following viruses: onion yellow dwarf virus, leek yellow stripe virus, garlic common latent virus, shallot latent virus, mite-borne filamentous virus and other potyviruses. For the detection of viruses we used antisera, provided by the Institute of Biochemistry and Plant Virology of the Federal Centre for Biological Research (BBA) Braunschweig. For assessing a plant to be virus-free, the test must be negative in two or three independent repetitions. Right now we have 15 accessions that fulfil this criteria and 18 accessions that show negative results after the first test.

Alle vegetativ vermehrten *Allium*-Arten, wie auch der Knoblauch sind in starkem Maße von Viruserkrankungen betroffen. Im Rahmen des EU-Projektes GENRES 20 wird seit 1996 am Aufbau einer virusfreien *In-vitro*-Genbank von *Allium sativum* gearbeitet. Die einzige Möglichkeit, virusfreies Pflanzgut von *A. sativum* zu erzeugen, ist die Meristemkultur (WALKEY ET AL 1987, VERBEEK ET AL. 1995). 51 Akzessionen von *A. sativum* aus der Genbank Gatersleben wurden zunächst hinsichtlich ihrer Virusbelastung untersucht. Sowohl der Nachweis der Virusbelastung des Feldmaterials als auch der Virusnachweis in den *In-vitro*-Pflanzen erfolgte mittels ELISA (DAS, TAS, PTA). Getestet wurde auf die am häufigsten beim Knoblauch vorkommenden Viren: onion yellow dwarf virus (OYDV), leek

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

² Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen

Aufbau einer virusfreien *In-vitro*-Genbank

yellow stripe virus (LYSV), garlic common latent virus (GCLV), shallot latent virus (SLV), mite-borne filamentous virus und andere Potyviren. Die zum Virusnachweis notwendigen Antiseren und MAK wurden uns vom Institut für Biochemie und Pflanzenvirologie der Biologischen Bundesanstalt in Braunschweig (Dr. Barg, Dr. Vetten, Dr. Lesemann) zur Verfügung gestellt.

Von allen geprüften Akzessionen erwiesen sich nur 2 als virusfrei hinsichtlich der getesteten Viren. 94% der Knoblauch-Akzessionen wiesen dagegen eine Virusinfektion mit 1-4 Viren auf. Infektionen mit den latent vorliegenden GCLV und SLV waren dominierend. Der Anteil der Mischinfektionen überwog die Einzelinfektion deutlich. Von den gleichen Akzessionen wurden Meristemkulturen angelegt. Hierzu wurden Meristeme (0,2-0,6 mm) aus den Bulbillen präpariert und auf MS-Medium mit Zusatz von 0,1mg/l IES und 0,1mg/l Kinetin bzw. auf MS-Medium ohne Hormone kultiviert. Die Inkubation der Meristeme erfolgte bei 25°C, wobei ein Teil der Meristeme zunächst für 7 Tage bei 10°C vorkultiviert wurde, um eine möglicherweise vorliegende Dormanz zu brechen. Aus 20% der kultivierten Pflanze konnten Meristeme regeneriert werden. Die Vorkultivierung der Meristeme bei 0°C hatte keinen Einfluß auf die Regenerationsrate, ebenso war kein Unterschied zwischen der Hormon- und der hormonfreien Variante hinsichtlich der Regenerationsrate festzustellen.

In-vitro-Kulturen konnten von 49 Akzessionen etabliert werden, von denen 40 Akzessionen bereits in die Virustestung einbezogen wurden. Pflanzen wurden erst dann als virusfrei eingestuft, wenn in 2-3 unabhängigen ELISA-Tests kein Virusnachweis möglich war. Bisher wurden *In-vitro*-Pflanzen von 15 Akzessionen gefunden, die sich in 2-3 Testen als virusfrei erwiesen. Von weiteren 18 Linien liegen Pflanzen vor, die im ersten Screening virusfrei waren. Von allen getesteten *In-vitro*-Pflanzen erwiesen sich 38% als virusfrei. Die geringste Effizienz der Viruseliminierung war für das GCLV zu verzeichnen.

Literatur

- BARG, E. (1995): Serologische und molekulargenetische Untersuchungen zur Variabilität *Allium*-Arten infizierender, filamentöser Viren. Dissertation, Georg-August-Universität Göttingen.
- VERBEEK, M., P. VAN DIJK AND P.M.A. VAN WELT (1995): Efficiency of eradication of four viruses from garlic (*Allium sativum*) by meristem-tip culture. *European Journal of Plant Pathology* **101**, 231-239.
- WALKEY, D.G.A., M.J. WEBB, C.J. BOLLAND AND A. MILLER (1987): Production of virus-free garlic (*Allium sativum* L.) and shallot (*A. ascalonicum* L.) by meristem-tip culture. *Journal of Horticultural Science* **62**, 211-220.

Untersuchung von *Aegilops*-Herkünften der Genbank Gatersleben mit Hilfe von Weizen-Mikrosatellitenmarkern

Microsatellite markers of wheat in the Aegilops-collection of the Gatersleben genebank

RENATE SOBEK¹, VIKTOR KORZUN¹, MARION RÖDER¹ UND ANDREAS BÖRNER¹

Zusammenfassung

Im Rahmen eines kürzlich begonnenen Projektes wird ein Teil des umfangreichen Materials der *Aegilops*-Sammlung in der Genbank Gatersleben mit Hilfe von Mikrosatellitenmarkern untersucht. Dafür stehen aus früheren Projekten etablierte und kartierte Mikrosatellitenmarker beim Weizen zur Verfügung. Für die Untersuchungen wurden für alle Weizenchromosomen solche Marker ausgewählt, die für eines der drei Weizengenome spezifische Loci aufwiesen. Dabei liegt der besondere Schwerpunkt der Untersuchung auf Markern des B-Genoms. Erste Untersuchungsergebnisse werden vorgestellt.

Summary

In a newly initiated project a part of the *Aegilops*-collection of the Gatersleben genebank is being investigated with microsatellite markers. Established and mapped microsatellite markers of wheat (WMS) are available from former projects. Markers for each chromosome of the three genomes of wheat were chosen. Special interest is given on the relationship between the B genome and the genomes of the *Aegilops* species. First results are presented. 93,4% of the 61 primer combinations investigated to date lead to amplification of fragments in at least one of the 38 tested DNA pools of diploid wheats (*Aegilops*, *Triticum monococcum* and *Amblypyrum*). A phylogenetic tree was constructed on information from 26 WMS. It fits well to the expected classification. Despite their high degree of polymorphism microsatellite markers could be used also for classification on species level in *Aegilops*.

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

1 Das untersuchte Merkmal

Mikrosatelliten sind Wiederholungen von sehr kurzen Sequenzmotiven innerhalb des Genoms. Diese Bereiche sind besonders anfällig für Mutationen, die zu einer Veränderung der Kopienzahl des Motives führen. Als wesentliche Ursachen hierfür werden Sequenzverschiebungen während der DNA-Replikation bei der Mitose und ungleiche Crossover vermutet. Aufgrund der hohen Mutationsrate liegen Mikrosatelliten oft auch noch in nah verwandten Linien in mehreren 'Allelen' unterschiedlicher Länge vor, so daß sich Mikrosatelliten hervorragend als molekulare Marker eignen. Zur Detektion des Längen-Polymorphismus wird der Bereich, in dem sich der Mikrosatellit befindet, in einer PCR-Reaktion spezifisch amplifiziert. Dazu werden Primer eingesetzt, die zu den flankierenden Sequenzen des Mikrosatelliten komplementär sind. Die Längenunterschiede der Amplifikate werden durch elektrophoretische Auftrennung sichtbar gemacht. Da hierbei z.T. Unterschiede von wenigen Basenpaaren erkannt werden müssen, wurde die Auftrennung mit einem ALF-Sequenzierer vorgenommen.

2 Das Pflanzenmaterial

Aus dem *Aegilops*-Sortiment der Genbank Gatersleben wurden Akzessionen aller diploiden *Aegilops*-Arten ausgewählt, so daß in dem verwendeten Material Vertreter aller *Aegilops*-Genome enthalten sind, die auf diploidem Niveau vorliegen (incl. *Amblyopyrum muticum* x *Aegilops mutica*, die von VAN SLAGEREN (1994) als eigene Gattung eingestuft wird). Die DNA wurde direkt aus dem Korn extrahiert, wobei pro Art Pools aus je fünf Ährchen erstellt wurden.

3 Ergebnisse

Mit 93,4% der 61 bislang ausgewerteten für Weizenmikrosatelliten spezifischen Primerkombinationen (WMS) konnten auch in mindestens einer der getesteten *Aegilops*-Arten Fragmente amplifiziert werden. Dabei fiel bei 8,2% der WMS die Amplifikation bei den *Aegilops* deutlich schwächer aus, als in der Chinese-Spring-Kontrolle. Nur bei 6,6% der WMS wurden keine Amplifikate bei *Aegilops* beobachtet. Die Fragmente von 26 WMS wurden in einer 1-0-Matrix erfaßt und zu einem Stammbaum verrechnet. Der Stammbaum spiegelt weitgehend die erwarteten Verwandtschaftsverhältnisse wider. Trotz ihres hohen Polymorphiegrades sind Mikrosatelliten in dem vorliegenden Fall offenbar auch zu einer Einteilung bei entfernteren Verwandtschaftsverhältnissen geeignet.

4 Ausblick

- Erprobung weiterer WMS,
- Auswahl von geeigneten WMS für die Untersuchung der Beziehung zwischen den *Aegilops*-Arten und zu den einzelnen Weizengenomenen,
- weiterführende Versuche um die Beschaffenheit und evtl. auch die Lage der amplifizierten Fragmente in den *Aegilops* näher zu untersuchen.

5 Literatur

- PLASCHKE, J., M.W. GANAL UND M. S. RÖDER (1995): Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.* **91**, 1001-1007.
- PLASCHKE, J., A. BÖRNER, K. WENDEHAKE, M.W. GANAL UND M. S. RÖDER (1996): The use of wheat aneuploids for the chromosomal assignment of microsatellite loci. *Euphytica* **89**, 33-40.
- RÖDER, M. S., J. PLASCHKE, S. U. KÖNIG, A. BÖRNER, M. E. SORRELLS, S. D. TANKSLEY UND M.W. GANAL (1995): Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Mol. Gen. Genet.* **246**, 327-333.
- VAN SLAGEREN (1994): Wild wheats: a monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub.&Spach) Eig (Poaceae). Wageningen Agricultural University Papers.

Zwischenergebnisse eines 100-jährigen Lagerungsversuches mit Roggen in der Genbank Gatersleben

Result of a long term storage test with rye within the genebank Gatersleben

CARL-ECKARDT SPECHT¹, SIBYLLE PISTRICK¹ UND ANDREAS BÖRNER¹

Summary

At present a long term storage test scheduled to be continued for 100 years has run about 20 years in the genebank Gatersleben. Aim of this test is to investigate the influence of different storage conditions combined with different storage temperatures on the germinability of rye. Therefore, seed samples of rye cv. 'Dankowskie Z_ote' have been stored since 1977 in the storage facilities of the genebank Gatersleben at three different storage temperatures (-15, 0 and 10 °C) in hermetically sealed glass bottles or jam jars which had been filled with four different storage media (air, vacuum CO₂, or N₂, respectively). The initial germinability was 78 % and the initial moisture content amounted to 5.51 % and 3.7 % respectively. Germination tests were conducted after 1, 5, 17 and 19 years, the results are presented on this poster.

Saatgut eines Langzeitlagerungsversuches, dessen Laufzeit insgesamt 100 Jahre betragen soll, ist zur Zeit 20 Jahre in der Genbank gelagert worden. Ziel dieses Versuches ist es, den Einfluß von verschiedenen Lagerungsmedien bei unterschiedlichen Lagerungstemperaturen auf die Keimfähigkeit von Roggen zu untersuchen. Deshalb wurde Roggen der Sorte 'Dankowskie Z_ote' seit 1977 in den Kühlzellen der Genbank Gatersleben bei drei unterschiedlichen Lagerungstemperaturen (-15, 0 und 10 °C) in hermetisch geschlossenen Lagerungsgefäßen, die mit vier unterschiedlichen Medien (Luft, Vakuum, CO₂ und N₂) gefüllt waren, gelagert. Die Anfangskeimfähigkeit betrug 78% und die Saatgutfeuchtigkeit lag zu Anfang des Versuchs bei 5,51% bzw. 3,7%. Keimfähigkeitsuntersuchungen wurden nach 1, 5, 17 und 19 Jahren durchgeführt. Beispielhaft werden die Ergebnisse für die 5,51% Variante dargestellt. Insgesamt kann als Ergebnis festgehalten werden, daß bei -15 °C bei allen Lagerungsarten keine starke Abnahme der Keimfähigkeit festgestellt werden kann. Bei höheren Lagerungstemperaturen zeigen sich dagegen Unterschiede bei den verschiedenen Lagerungsarten. Bei fast allen Varianten kann eine mehr oder weniger große Abnahme der Keimfähigkeit festgestellt werden, die N₂- und die CO₂- Variante zeigen auch bei der hohen Lagerungstemperatur von 10 °C nach 19 Jahren hohe Keimfähigkeiten.

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

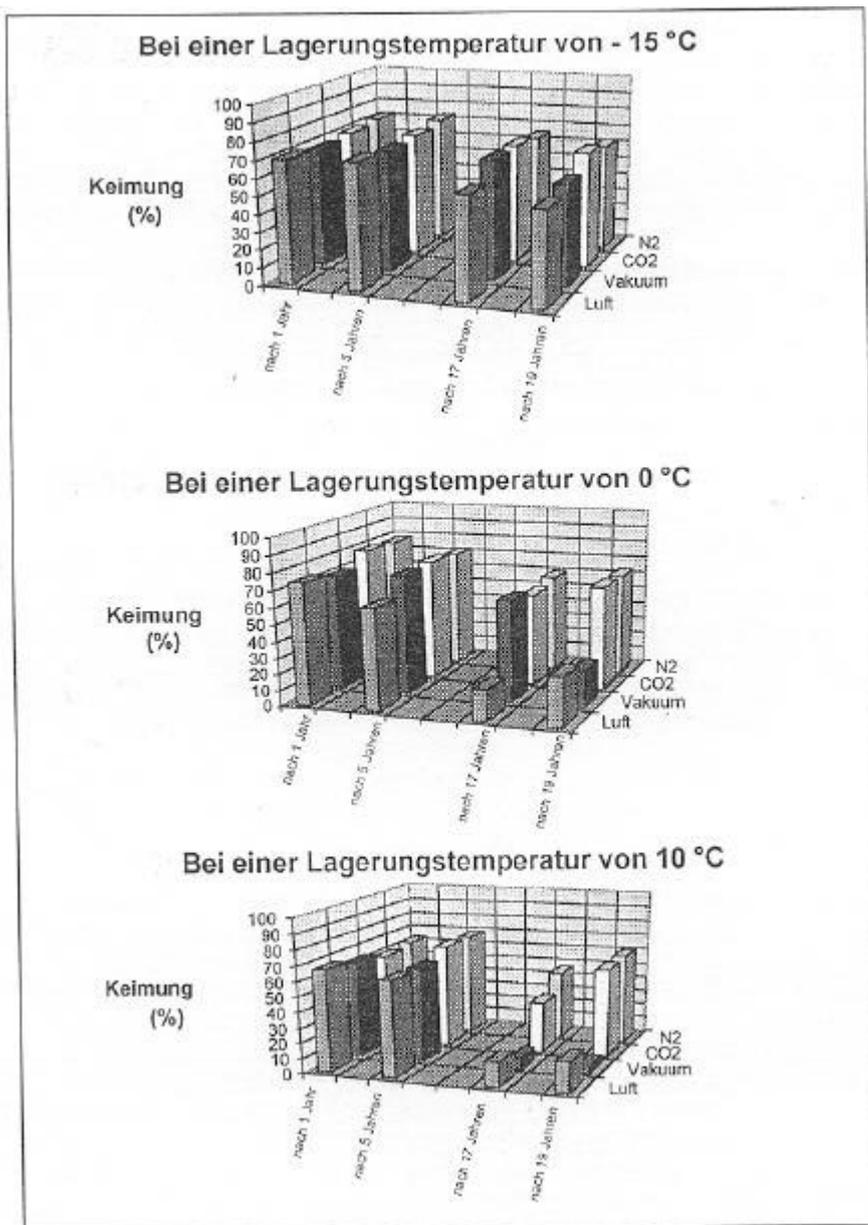


Abb. 1: Keimfähigkeit von Roggen im Langzeitlagerungsversuch bei unterschiedlichen Lagerungstemperaturen und Lagermedien

Fig. 1: Germinability of rye after long term storage at different temperatures and different storage media

Literatur

SPECHT, C.-E. AND A. BÖRNER (1997): Results of a long term storage test with rye (*Secale cereale* L.) at different storage temperatures and media; submitted to Plant Breeding 28.07.1997.

The genetic control of photoperiod response in barley (*Hordeum vulgare* L.)

SILKE STRACKE¹, VIKTOR KORZUN¹ AND ANDREAS BÖRNER¹

1 Introduction

Genes controlling flowering time are important for adapting cereal varieties to particular environments. Genes of day-length response determining sensitivity to the length of the photoperiod. Day-length insensitive genotypes permit the initiation of floral perioridia without the requirement for long day photoperiods, whereas sensitive genotypes need a long day period for permission of floral primordia initiation. In barley two loci determining response to photoperiod were mapped (LAURIE ET AL 1995). One locus showing the greatest differences in flowering time under long days is located on the short arm of chromosome 2H and designated *Ppd-H1*. The second locus *Ppd-H2* was mapped on the long arm of the chromosome 1H showing significant differences in flowering time only under short days. Four further mutants determining earliness under short day-lengths are known (GALLAGHER ET AL 1991). The mutants designated *ea_k*, *ea₇*, *ea_c* and *ea_{sp}* are located on chromosomes 1H, 6H, 4H and 3H, respectively. The presented poster shows first results of three analysed F₂ populations segregated for photoperiod insensitivity.

2 Material and Methods

In order to map loci, controlling the photoperiod response, crosses were initiated between three different day-length insensitive barley mutants (GALLAGHER ET AL. 1991, 1994, 1995; personal communication) and 'Betzes'. The mutants with their recessive homozygous loci are listed follows as:

mutant	mutant derived from	locus	chromosome
Atsel	Atlas	<i>ea₇</i>	6H
Super Precoz	MC 20	<i>ea_{sp}</i>	3H
Muchichiyang	NK 1272	<i>ea_c</i>	4H

F₂ plants derived from one single F₁ hybrid of each cross (134 plants from Atsel x Betzes; 96 plants from Super Precoz x Betzes; 133 plants from Muchichiyang x Betzes) were grown together with the two parents (12 plants each) in a growth chamber with 10h light and 14h darkness at 25°C and 18°C,

¹ Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenzüchtung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben

The genetic control of photoperiod response in barley

respectively. The photoperiodic response was measured as days to flowering. Five to six weeks old seedlings were cut and DNA extracted by the procedure of MC COUCH ET AL. (1988). RFLP-analysis, according to methods of DEVOS ET AL (1992), were started with the F₂ population 'Atsel' x 'Betzes'. RFLP clones, provided by A. GRANER, IPK Gatersleben, with known chromosome 6H location were screened for polymorphism.

3 Results

The controlled-environment tests showed good differences between the genotypes. The flowering time of parents differing on average 60 days. All three populations show discontinuous distributions of trait expression allowing the genetic determinants to be mapped as single genes. For the target trait the observed ratios were not significantly different from the expected 3 : 1 ratio. In the case of the F₂ population from 'Atsel' x 'Betzes' the observed ratio was 38 : 95 ($\chi^2 = 0.90$; $P > 0.30$). The scoring of F₂ populations from 'Super Precoz' x 'Betzes' and 'Michichiyang' x 'Betzes' detected the ratios 21 : 75 ($\chi^2 = 0.50$; $P > 0.45$) and 32 : 101 ($\chi^2 = 0.06$; $P > 0.90$), respectively.

First molecular study was started in order to map the *ea₇* locus ('Atsel' x 'Betzes'). The analysed population comprising 88 individual plants. The results so far shows a correlation between the RFLP marker X_mwg 2313, located near the centromer region, and the *ea₇* locus. The calculated recombination rate was 0,85%.

References

- DEVOS, K.M., M.D. ATKINSON, C.N. CHINOY, C.J. LIU AND M.D. GALE (1992): RFLP-based genetic map of the homoeologous group 3 chromosomes of wheat and rye. *Theor. Appl. Genet.*, **83**, 931.
- GALLAGHER, L.W., K.M. SOLIMAN AND H. VIVAR (1991): Interactions among loci conferring photoperiod insensitivity for heading time in spring barley. *Crop Sci.*, **31**, 256.
- GALLAGHER, L.W., A.A. HAFEZ, S.S. GOYAL AND D.W. RAINS (1994): Nuclear mutants affecting chloroplastic pigments of photoperiod-insensitive barley. *Plant Breeding*, **113**, 65.
- LAURIE, D.A., N. PRATCHETT, J.H. BEZANT AND J.W. SNAPE (1995): RFLP mapping of five major genes and eight quantitative trait loci controlling flowering time in a winter x spring barley (*Hordeum vulgare* L.) cross. *Genome*, **38**, 575.
- MCCOUCH, S.R., G. KOCHERT, Z.H. YU, Z.Y. WANG, G.S. KHUSH, W.R. COFFMAN AND S.D. TANKSLEY (1988): Molecular mapping of rice chromosomes. *Theor. Appl. Genet.*, **76**, 815.

Integration von Bastarden mit der Wildgerste *Hordeum bulbosum* in den Zuchtprozeß von Wintergerste

*Integration of hybrids with the wild barley *Hordeum bulbosum* into the breeding process of winter barley*

G. SZIGAT¹, M. HERRMANN² UND H. RAPKE¹

Summary

Barley offsprings from backcrosses between cultivated barley and amphidiploid stable hybrids (*H. bulbosum* / *H. vulgare*) were valued for desired traits. New hitherto unknown resistances against mildew, brown rust and Virus were selected. The resistant material is used in different breeding programmes.

Tetraploide Bastarde aus der Kombination von *H. vulgare* und *H. bulbosum* entstanden auf der Basis der tetraploiden Sommer-Gerste „St. 5“ und Winter-Gerste „Borwina“ im Institut für Pflanzenzüchtung Gülzow (SZIGAT UND WUSTRACK 1976, SZIGAT UND WUSTRACK 1990). Bei Rückkreuzungen mit diesen relativ stabilen Bastarden und Kulturgerste traten in den Nachkommenschaften introgressiv veränderte Gersten mit *bulbosum*-Merkmalen auf (POHLER UND SZIGAT 1982, SZIGAT, POHLER, WUSTRACK 1991). Es war das Ziel, zu prüfen, ob auch züchterisch wichtige Merkmale, insbesondere Krankheitsresistenzen verbessert werden können.

¹ Mühlberg 6
18276 Gülzow-Güstrow

² DSV Saatzucht
01665 Leutewitz

Integration von Bastarden mit der Wildgerste *Hordeum bulbosum* in den Zuchtprozeß von Wintergerste

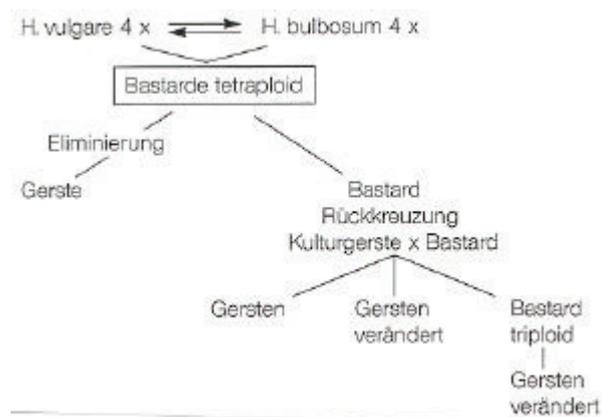


Abb. 1: Kreuzungsschema für tetraploide Bastarde aus *H. vulgare* x *H. bulbosum*

Fig. 1: Crossing scheme for tetraploide bastards from *H. vulgare* x *H. bulbosum*

1 Material

Nachkommenschaften, insbesondere aus Rückkreuzungen (R) mit Sorten bzw. Stämmen und Bastarden.

2 Methode

Einbeziehung in die Zuchtprogramme: Kombinationszüchtung und Rückkreuzungsprogramme, Resistenzzüchtung-Feldbonituren auf Mehltau, Rost, Virus; Mehltaukeimpflanzentest

Zusätzliche Prüfung der Selektionen in Zusammenarbeit mit anderen Institutionen, anfangs im Rahmen der Züchtermgemeinschaft:

-Vergleichsprüfungen in der Zuchtstation Sundhausen bei Erfurt (1983-1985)

-Mehltau-Resistenzgenbestimmung

Institut für Getreideforschung Hadmersleben (WÄCHTER schriftl. Mitteilung).

Biolog. Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Kleinmachnow (FLATH schriftl. Mitteilung).

-Rost-Resistenzbestimmung

BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, (WALTHER schriftl. Mitteilung).

-Virus-Feldbonitur und serologischer Test

BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben (PROESELER schriftl. Mitteilung).

3 Ergebnis

Neue Resistenzen (bisher unbekannt) gegen Mehltau, Rost und Virus wurden in den Nachkommenschaften verschiedener Kombinationen selektiert (Tab. 1). ST 2818-14/95 zeigte Doppelresistenz gegen Rost und Virus.

4 Schlußfolgerung

Rückkreuzungen mit den Gülzower tetraploiden stabilen *H.bulbosum*-Bastarden bieten die Chance für vielfältige Neukombination.

Tab. 1: Neue Resistenzen gegen Mehltau, Rost und Viren

Tab.1: New resistances against mildew, brown rost and viruses

	Rückkreuzung			Abstammung tefr. Bastard	Selektion (Bezeichnung)	Untersuchungs- ergebnis
	♀ Sorte	♂ tefr. Bastard	Jahr			
Mehltau	'Valja' x F3 (30008)		1973/74	Hb. x St. 5 ■	St. 7136	Ru (M1a13) und wahrscheinlich ein weiteres nicht definiertes Gen
	'Trumpf' x F2, F3 (20003, 30003)		1974/75	Hb. x St. 5 ■	Vergleichsversuch Sundhausen St. 4719 (MCP 1986/87)	Feldresistenz 1983-85
Zweig- Rost	Rückkreuzungsprogramm in Leuterwilz Entwicklung eines umfangreichen Zuchtmaterials					neues Gen *
	'Nebelia' x F3 (3WB14)		1986/87	'Borw.' x Hb. ●	St. 6436/94	vollständig wirkend
	'Rubina' x F1 (BW1)		1984/85	Hb. x 'Borw.' ●	St. 6437/94	neues Gen * (stark wirkend)†
	'Rubina' x F1 (WB5)		1984/85	'Borw.' x Hb. ●	St. 6438/94 St. 6439/94	neues Gen * (stark wirkend)† Ri (M1a3)
Virus	'Nebelia' x F3 (3WB14)		1986/87	'Borw.' x Hb. ●	St. 2818-14/95 St. 8089- 1/96 - 2/96	neues Gen *
	KT 159 x F1 (WB2)		1984/85	'Borw.' x Hb. ●	St. 945/92	neues Gen *
	[KT 159 x F1 (WB2)] x HW 2.935		1990	'Borw.' x Hb. ●	St. 5413/94 St. 6283/94	neues Gen *
	'Nebelia' x F3 (3WB14)		1986/87	'Borw.' x Hb. ●	St. 6434/94 St. 6442/94 St. 2818-14/95	res. gegen BaMVV, BaYMV-1, -2 (symptomatologisch und serologisch)

* Isolate-Reaktion (genetische Analyse noch nicht durchgeführt) † sind identisch

■ Sommergerste "St. 5" ● Wintergerste "Borwina"

5 Literatur

- SZIGAT, G. UND CH. WUSTRACK (1976): Fertile Artbastarde bei Gerste, Archiv Züchtungsforschung Berlin, 6, H 4, 287 ff.
- SZIGAT, G. UND CH. WUSTRACK (1990): About hybridization possibilities of tetraploid winter barley and tetraploid wild barley *Hordeum bulbosum*. Archiv Züchtungsforschung Berlin, 20, H. 1, 33ff..
- POHLER, W. UND G. SZIGAT (1982): Versuche zur rekombinativen Genübertragung von der Wildgerste *Hordeum bulbosum* auf die Kulturgerste *H. Vulgare*. Die Rückkreuzung W x BBW. Archiv Züchtungsforschung Berlin, 12, H. 2, 87 ff.
- SZIGAT, G., W. POHLER UND CH. WUSTRACK (1991): Creation and utilization of amphidiploid hybrids between *Hordeum vulgare* and *Hordeum bulbosum*. Barley Genetics VI, Vol. I Helsingborg, Sweden, 87 ff.

***Vicia faba*: Genbank-Akzessionen als Quelle neuer CMS-Systeme**

Vicia faba: Genebank accessions as source of new CMS systems

J. C. VAUPEL¹, W. EDERER², E. VON KITTLITZ³ UND W. LINK¹

Summary

In faba bean, two new CMS systems (CMS 199 and CMS 297) could be identified based on wide intraspecific crosses. CMS 199 is promising because male sterility is high and more stable than that of CMS 297.

1 Ziel

Identifikation eines CMS-Systems, welches züchterische Vorteile im Vergleich zum CMS 447 (BOND ET AL. 1996) und zum CMS 350 (BERTHLEM ET AL. 1967) aufweist.

2 Ansatz

Jedes Cytoplasma ist als potentielles CMS-Plasma zu betrachten. Es fehlen zur Realisierung die korrespondierenden Maintainer-Allele. Kreuzungen zwischen genetisch divergenten Genotypen ermöglichen die Suche nach solchen Maintainer-Allelen. Da interspezifische Kreuzungen bei *Vicia faba* bisher nicht möglich sind, wurde ein Screening mittels intraspezifischer Kreuzungen durchgeführt (Abb. 1).

¹ Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen

² Nodus GmbH
Gartenstr. 31
72764 Reutlingen

³ Universität Hohenheim
Landessaatzuchtanstalt (720)
Fruwirthstraße 21
70593 Stuttgart

S [RfRf] (fertil) x N [rfrf] (fertil)			N [rfrf] (fertil) x S [RfRf] (fertil)		
F1	S [RfRf]	(fertil)	F1	N [RfRf]	(fertil)
F2	S [RfRf]	(fertil)	F2	N [RfRf]	(fertil)
	S [Rfrf]	(fertil)		N [Rfrf]	(fertil)
	S [rfrf]	(pollensteril)		N [rfrf]	(fertil)

N, S = Cytoplasmen, rf, RF = Allele eines korrespondierenden Maintainer-/Restorerlocus)

Abb. 1: Schema einer Kreuzung in beiden reziproken Richtungen für das Screening auf CMS:

Abb. 1: Crossing chart to screen for CMS in both reciprocal directions

Erhaltung und Vermehrung pollensteriler F2-Pflanzen (S [rfrf]) durch Rückkreuzung mit dem Vater (potentieller Maintainer) der Ausgangskreuzung:

$$F2 \text{ S [rfrf] (pollensteril) } \times \text{ Nn [rfrf] (fertil)}$$

3 Material und Methoden

Aus einer nach Ihrer Herkunft sehr divergenten Kollektion von 24 Gaterslebener Akzessionen wurden 330 Kreuzungen nach obigem Schema hergestellt. Die Ausprägung der männlichen Sterilität wurde in der F2 in beiden reziproken Kreuzungsrichtungen evaluiert. Die Erfassung der Pollenfertilität erfolgte in Isolierhäusern über (1) die Bonitur der Pollenmenge und (2) die Bewertung des Samenansatzes durch Selbstung. Als pollensteril gelten nur Pflanzen, die dabei keinen Selbstungsansatz zeigen.

4 Ergebnis

Zwei Kreuzungen wurden als Quelle neuer CMS-Systeme verifiziert:

1. CMS 199 aus FAB199 x FAB187
2. CMS 297 aus FAB297 x FAB370

5 Quelle und Herkunft der beiden neuen CMS-Systeme

Quelle für das CMS 199 sind die beiden Gaterslebener Akzessionen FAB 199 und FAB 187. FAB 199 hat laut VIR St. Petersburg seinen Ursprung in Russland und geht auf eine Landsorte aus Maiminsk zurück. Die geographische Herkunft von FAB 187 ist Afghanistan, Kabul. Das CMS 297 geht auf die beiden Akzessionen FAB 297 und FAB 370 des IPK Gatersleben zurück. Das VIR St. Petersburg, Donor für FAB 297, nennt als Ursprung die Sorte Rebaya aus Ägypten. FAB 370 wird außer im IPK Gatersleben auch in der USDA-ARS Plant Introduction Section Maryland, im USDA-ARS-GRIN, in der Genbank Braunschweig sowie an der Landessaatzuchtanstalt Stuttgart-Hohenheim als Akzession geführt. Afghanistan wird übereinstimmend als Ursprungsland von FAB 370 genannt.

Tab. 1: Ausprägung und Entwicklung der Pollensterilität über die Rückkreuzungs-Generation bei den beiden neuen Systemen CMS 199 und CMS 297 (Stand September 1997)

Tab. 1: Expression and development of male sterility through back-cross generations of both new system CMS 199 and CMS 297

		CMS 199		CMS 297	
Generation	Saison	Pflanzenzahl	Pollensterile Pflanzen (%)	Pflanzenzahl	Pollensterile Pflanzen (%)
F2	1993	8	38	16	38
BC1	1993/94	10	80	23	26
BC1	1994	-	-	75	100
BC2	1994	47	96	25	96
BC3	1994/95	107	88	112	6
BC2	1995	-	-	666	61
BC3	1995	327	95	-	-
BC4	1995	296	97	239	67
BC5	1995/96	40	100	44	9
BC6	1996	343	98	413	61
BC7	1996/97	59	98	22	23
BC8	1997	243	95	149	94

6 Perspektiven

System CMS 199:

Die Pollensterilität ist bis zur Generation 8 verifiziert und war über Rückkreuzungs-Generationen und Winter- vs Sommersaison hoch und stabil.

Weitere Untersuchungen mit dem CMS 199:

- Vererbung der Maintainer- und Restorer-Eigenschaft
- Molekulare Marker für diese Allele
- Einfluß von Umwelt, genetischem Hintergrund und Heterozygotiegrad auf Ausprägung der Pollensterilität
- Übertragung des/der Maintainer-Allele in Elitelinien
- Suche nach neuen Maintainer-Linien

System CMS 297:

Die Pollensterilität ist bis zur Generation 8 verifiziert, zeigt sich allerdings stark variabel (u.a. Winter- vs Sommersaison). Weitere Untersuchungen mit dem CMS 297 konzentrieren sich auf die Suche nach neuen Maintainer-Linien.

7 Literatur

BERTHELM, P. ET J. LE GUEN (1967): Rapport d'activité 1967. INRA Rennes, France.

BOND, D.A., J.L. FYFE AND G. TOYNBEE-CLARKE (1996): Male sterility in field beans (*Vicia faba* L.).
3. Male sterility with a cytoplasmatic type of inheritance. J. Agric. Sci. **66**, 369-377.

PFEIFFER, P., J.L. HEITZLER AND G. KEITH (1993): Unusual structure of the double stranded RNA associated with the „447“-cytoplasmatic male sterility in *Vicia faba*. J. of General Virology **74**, 1167-1173.

Evaluierung alter Kartoffelsorten - Kartoffelprojekt europäischer NRO's im Rahmen der EU-Verordnung 1467/94

Evaluation of old potato varieties - project of european NGOs under EU Regulation 1467/94

RUDI VOEGEL¹

Einleitung

Erhaltung und Wiedereinführung alter Nutzpflanzen in Biosphärenreservaten (BR) - Evaluierung alter Kartoffelsorten in brandenburgischen Großschutzgebieten: Das bislang einzige, unter der EU-Verordnung 1467/94 geförderte Projekt mit nennenswerter NRO-Beteiligung, ist das Projekt „Erhaltung, Beschreibung und Nutzung nachrangiger Kartoffelsorten für ökologische Anbausysteme in Europa“ (RESGEN CT95-34 (1996-1999)). Unter Koordinierung der niederländischen Genbank (CPRO-DLO/CGN) widmen sich acht Partner der Evaluierung vorhandener Stämme von Wildkartoffeln für züchterische Grundlagen. Vier weitere Partner sollen abbautolerante Kartoffelsorten mit interessanten Ertrags- und Geschmackseigenschaften aus dem Spektrum älterer Sorten selektieren, beschreiben und einer weiteren Nutzung zuführen.

1 Arbeitsschritte 1997

- Entwicklung eines Feldboniturbogens
- Kriterienggebundene Auswahl regional bedeutsamer Sorten und gemeinsamer Standardsorten.
- Feldprüfung und Beschreibung an drei Versuchsstandorten in Brandenburg (LAGS)
 - Wustrow/E. Landschaftspflege GmbH im Naturpark Elbtalaue
 - Burg/S. Kräutergarten e.V. im BR Spreewald
 - Greiffenberg/U. Verein zur Rekultivierung von Nutzpflanzen im BR Schorfheide-Chorin

Weitere Versuchsstandorte sind in Großbritannien (Henry-Doubleday-Research-Association) und Österreich (Arche Noah).

¹ Landesanstalt für Großschutzgebiete (LAGS)
Ref. Landwirtschaft
Haus am Stadtsee 1-4
16225 Eberswalde

Evaluierung alter Kartoffelsorten - Kartoffelprojekt europäischer NRO's

Ziel ist die Eignungsprüfung alter Sorten für biologische Anbausysteme - unter anderem erfolgt eine Prüfung von

- Widerstandskraft gegen Krautfäule (*Phyt.inf.*)
- Ertragspotential
- Virustoleranz
- Marktfähigkeit

Beteiligte Partner:

- Henry Doubleday Research Association, Großbritannien
- Arche Noah, Österreich
- Landesanstalt für Großschutzgebiete in Brandenburg
 - Landschaftspflege GmbH Lenzen im Naturpark Elbtal
 - Verein zur Rekultivierung alter Nutzpflanzen, Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin
 - Kräutergarten Burg e.V. , Biosphärenreservat Spreewald
- IPK-Genbank Kartoffel Groß Lüsewitz

2 Prüfsorten und Versuchsanlage 1997

Feldversuch 1997, Greiffenberg/W. Pollack

1x10	873 FRANSEN	1x10	873 FRANSEN
2x10	230 Desirée	2x10	1556 Kerkowske Rohlicky
2x10	1032 Blaue Schweden	2x10	1028 Rote Lötschenthaler
2x10	893 Sitta	2x10	238 Böhms Allerfrüheste Gelbe
2x10	1723 Patersons Victoria	2x10	1405 Edzel Blue
2x10	900 Ora	2x10	83 Flava
2x10	1478 Gren Mountain	2x10	1597 Linzer Rose
2x10	275 Edelgard	2x10	1605 Long Blue
2x10	1332 Carolina	2x10	340 Odenwälder Blaue
2x10	234 Aquila	2x10	899 Rotkehlchen
2x10	586 Wohltmann	2x10	914 Adretta
2x10	1953 Victor	2x10	14 Sieglinde
2x10	1848 Shiretoko	2x10	722 Early Rose
2x10	509 Cosima	2x10	737 Rod Ersteling
2x10	1283 Aula	2x10	1759 Prima
2x10	590 Capella	2x10	895 Arkula

Pia Altenhofer

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-232
Fax: (039482) 5-155

Prof. Dr. Konrad Bachmann

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5466
Fax: (039482) 5155
Email: bachmann@ipk-gatersleben.de

Susanne Barth

Technische Universität Hohenheim
Institut 350/1
Fruwirthstr. 21
70599 Stuttgart
Tel.: (0711) 459-4068
Fax: (0711) 459-2343
Email: barth@pz350.ipsp.uni-hohenheim.de

Dr. Knut Bauer

Bundesministerium für Bildung, Wissenschaft,
Forschung und Technologie (BMBF)
Referat 51
Heinemannstr. 2
53175 Bonn
Tel.: (0228) 57-3631
Fax: (0228) 57-3946

Dr. Hans Baukloh

Kleinwanzlebener Saatzucht AG (KWS)
37555 Einbeck
Tel.: (05561) 31 13 93
Fax: (05561) 31 15 44

Dr. Max Baumer

Bayerische Landesanstalt für
Bodenkultur und Pflanzenbau
Vöttinger Str. 38
85354 Freising
Tel.: (08161) 71-3629
Fax: (08161) 71-4102

Prof. Dr. Heiko Becker

Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen
Tel.: (0551) 394-381
Fax: (0551) 394-601
Email: hbecker1@gwdg.de

Dr. Frank Begemann

Zentralstelle für Agrardokumentation
und -information (ZADI)
Informationszentrum für Genetische
Ressourcen (IGR)
Villichgasse 17
53177 Bonn
Tel.: (0228) 9548-202/200
Fax: (0228) 9548-220
Email: begemann@zadi.de

Heide Bergschmidt

Marienburger Ufer 31
47279 Duisburg
Tel.: (0203) 72 93 21

Gabriele Blümlein

Zentralstelle für Agrardokumentation
und -information (ZADI)
Informationszentrum für Genetische
Ressourcen (IGR)
Villichgasse 17
53177 Bonn
Tel.: (0228) 9548-209
Fax: (0228) 9548-220
Email: bluemlein@zadi.de

PD Dr. habil. Andreas Börner

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-484
Fax: (039482) 5-155

Teilnehmerliste

Ulrike Brand

RWTH Aachen
Lehrstuhl für Biologie
Worringer Weg 1
52056 Aachen
Tel.: (0241) 80-6675
Fax: (0241) 8888-182
Email: ulrike.brand@post.rwth-aachen.de

Alexander Braun

Kartoffelzucht Böhm
Unterhof 51/121
35392 Gießen
Tel.: (0641) 2 10 08

Dr. Reinhard von Broock

Lochow-Petkus GmbH
Postfach 1197
29296 Bergen
Tel.: (05051) 477-14
Fax: (05051) 477-64

Dr. Klaus Brunckhorst

Lochow-Petkus GmbH
Zuchtstation Wetze
37154 Northeim
Tel.: (05551) 5066/67
Fax: (05551) 534 74

Dr. Carl Bulich

Gemeinschaft zur Förderung der privaten
deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP)
Kaufmannstr. 71
53115 Bonn
Tel.: (0228) 985 41-0
Fax: (0228) 692 602

Stefan Bücken

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Genbank
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Tel.: (0531) 596-613
Fax: (0531) 596-365
Email: buecken@kepler.dv.fal.de

Heinrich Busch

Deutsche Saatveredlung (DSV)
Zuchtstation Lippstadt
Thüler Str. 30
33154 Salzkotten-Thüle
Tel.: (05258) 9820-0
Fax: (05258) 9820-30

Henry Dannenberg

Schreibers Saatzeit - Ges. m.b.H.
Hauptstr. 1
38387 Söllingen
Tel.: (05354) 809-39
Fax: (05354) 809-66

Joachim Degener

Landessaatzeitanstalt
Versuchsstation Eckartsweier
Waldhof 2
77731 Willstätt
Tel.: (07852) 9188-25
Fax: (07852) 9188-14
Email: degener@uni-hohenheim.de

Dr. Klaus J. Dehmer

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-310
Fax: (039482) 5-337
Email: dehmer@ipk-gatersleben.de

Dr. Martin Deuter

TINPLANT
Biotechnik und Pflanzenvermehrung GmbH
Magdeburger Str. 33
39164 Klein Wanzleben
Tel.: (039209) 83 17
Fax: (039209) 83 17

Dr. Axel Diederichsen

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-117
Fax: (039482) 5-155
Email: dieder@ipk-gatersleben.de

Almut Dingerdissen

Fa. Strube Saatzeit KG
Postfach 13 53
38358 Schöningen
Tel.: (05354) 809-0
Fax: (05354) 809-66

Wolfgang Ecke

Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen
Tel.: (0551) 39-5764
Fax: (0551) 39-4601
Email: wecke@gwdg.de

Prof. Dr. Thomas Erhard

Humboldt-Universität zu Berlin
Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät
Invalidenstr. 42
10099 Berlin
Tel.: (030) 2093-8346
Fax: (030) 2093-8460

Dr. Ulf Feuerstein

Deutsche Saatveredlung (DSV)
Hof Steimke
27330 Asendorf
Tel.: (04253) 9311-0
Fax: (04253) 9311-20

Prof. Dr. Dr. Gerhard Fischbeck

TU München
Lehrstuhl für Pflanzenbau und
Pflanzenzüchtung
85350 Freising
Tel.: (08161) 71-3422/24
Fax: (08161) 71-4511

Prof. Manfred Fischer

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank Obst
Bergweg 23
01326 Dresden
Tel.: (0351) 261 50-10
Fax: (0351) 261 50-11

Stephanie Franck

Gesamthochschule Kassel
Steinstraße 19
37123 Witzenhausen
Tel.: (05542) 981-304
Fax: (05542) 981-213
Email: franck@wiz.uni-kassel.de

Dr. M. Frauen

Norddeutsche Pflanzenzucht
Hans-Georg Lembke K.G.
Hohenlieth
24363 Holtsee
Tel.: (04351) 736-0
Fax: (04351) 736-299

Dr. Lothar Frese

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Genbank
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Tel.: (0531) 596-617
Fax: (0531) 596-365
Email: frese@pf.fal.de

Ulrich Freytag

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-127
Fax: (039482) 5-155

Teilnehmerliste

Prof. Dr. Wolfgang Friedt

Justus-Liebig-Universität Giessen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Ludwigstr. 23
35390 Gießen
Tel.: (0641) 993 74-20
Fax: (0641) 993 74-29
Email: Wolfgang.Friedt@agrar.uni-giessen.de

Dr. Walter Frölich

Consultant
Herdweg 11/2
71665 Vaihingen/Enz
Tel.: (07042) 336 40

Dr. Helmut Gäde

Harzblick 4
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 704 297

Inge Gaue

Norddeutsche Pflanzenzucht
Hans-Georg Lembke KG
Hohenlieth
24363 Holtsee
Tel.: (04351) 736-0
Fax: (04351) 736 298

Martin Geibel

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank Obst
Bergweg 23
01326 Dresden
Tel.: (0351) 261 50-10
Fax: (0351) 261 50-11

Dr. Peter Goertz

Südwestdeutsche Saatzucht
Benshurst Nr. 2
77893 Lichtenau
Tel.: (07227) 46 11
Fax: (07227) 16 63

Axel Goldau

VFLU/Kritische Ökologie
Malteser Str. 99k
12249 Berlin
Tel.: (030) 76 70 34 98
Fax: (030) 76 70 34 99

Dr. Andreas Graner

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-521
Fax: (039482) 5-155
Email: graner@ipk-gatersleben.de

Dr. Wolfgang Grüneberg

Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von Siebold-Str. 8
37075 Göttingen
Tel.: (0551) 394-360
Fax: (0551) 232 52

Dr. Jörg Großer

Lochow-Petkus GmbH
Zuchtstation Wetze
37154 Northeim
Tel.: (05551) 50-66/67
Fax: (05551) 534 74

Dr. Hans Ulrich Haas

Universität Hohenheim
Institut für Phytomedizin
Otto-Sander-Str. 5
70599 Stuttgart
Tel.: (0711) 459-4083
Fax: (0711) 459-2408
Email: haashu@uni-hohenheim.de

Bernd Hackauf

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtungsmethodik ldw.
Kulturpflanzen
Institutsplatz
18190 Groß Lüsewitz
Tel.: (038209) 45-207
Fax: (038209) 45-120
Email: Bernd.Hackauf@t-online.de

Hans Haldrup

Pajbjergfonden
Gersdorffslundvej 1, Hou
DK - 8300 Odder
Tel.: 0045 (8655) 64 66
Fax: 0045 (8655) 71 19

Prof. Dr. Karl Hammer

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-280
Fax: (039482) 5-155
Email: hammer@ipk-gatersleben.de

Siegfried Harrer

Zentralstelle für Agrardokumentation
und -information (ZADI)
Informationszentrum für Genetische
Ressourcen (IGR)
Villichgasse 17
53177 Bonn
Tel.: (0228) 9548-205
Fax: (0228) 9548-220
Email: harrer@zadi.de

Dr. Eckhardt Hehne

Deutsche Stiftung für Internationale
Entwicklung (DSE/ZEL)
Leipziger Str. 15
04509 Zschortau
Tel.: (034202) 845-0
Fax: (034202) 845-777

Christine Heinrichs

Ministerium für Raumordnung, Land-
wirtschaft und Umwelt
Postfach 3760
39012 Magdeburg
Tel.: (0391) 5 67 1953
Fax: (0391) 5 67 19 44

Dr. Joachim Heller

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 50
Fax: (039482) 5-155

Theo van Hintum

CPRO-DLO (CGN)
P.O. Box 16
NL-6700 AA Wageningen
Tel.: 0031 (317) 47 70 78
Fax: 0031 (317) 41 80 94
Th.J.L.vanHintum@cpro.dlo.nl

Dr. Edelgard Hoberg

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Qualitätsanalytik
Neuer Weg 22-23
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-236
Fax: (03946) 47-255

Roul Hoekstra

CPRO-DLO (CGN)
P.O. Box 16
6700 AA Wageningen
Tel.: 0031 (317) 47 70 78
Fax: 0031 (317) 41 80 94
Email: r.hoekstra@cpro.dlo.nl

Bernd Horneburg

Dreschflegel
Geismar Landstr. 30
37083 Göttingen
Tel.: (0551) 70 62 84

Teilnehmerliste

Heidi Jaiser

Pajbjergfonden
Gersdorffslundvej 1, Hou
DK-8300 Odder
Tel.: 0045 (8655) 64 66
Fax: 0045 (8655) 71 19

Prof. Dr. Samuel Jutzi

Gesamthochschule Kassel
Fachbereich 11
Steinstr.19
37213 Witzenhausen
Tel.: (05542) 981-228/29
Fax: (05542) 981-230
Email: jutzi@wiz.uni-kassel.de

Dr. Ute Kastirr

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Resistenzforschung
Theodor-Roemer-Weg 4
06449 Aschersleben
Tel.: (03473) 879-197
Fax: (03473) 879-200

Dr. Joachim Keller

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-267
Fax: (039482) 5-155
Email: keller@ipk-gatersleben.de

Manfred Klaas

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-0
Fax: (039482) 5-500
Email: klaas@ipk-gatersleben.de

Anja Klahr

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-409
Fax: (039482) 5-155
Email: klahr@ipk-gatersleben.de

Dr. Evelyn Klocke

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Gemüse-, Heil- und
Gewürzpflanzenzüchtung
Neuer Weg 22/23
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-309
Fax: (03946) 47-579

Carsten Knaak

Resistenzlabor
der Saaten-Union OHG
Hovedisser Str. 92
33818 Leopoldshöhe
Tel.: (05208) 9504-92
Fax: (05208) 9504-94

Dr. Helmut Knüpffer

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
05466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-283
Fax: (039482) 5-155
Email: knupffer@ipk-Gatersleben.de

Dr. Georg Koch

A. Dieckmann-Heimburg
Saatzucht Sülbeck
Kirchhorster Str. 16
31688 Nienstädt
Tel.: (05724) 9519-0
Fax: (05724) 9519-77

Dr. Wolfgang Köhler

Justus-Liebig-Universität Giessen
Institut für Biometrie und Populationsgenetik
Ludwigstr. 27
35390 Giessen
Tel.: (0641) 993 75-40
Fax: (0641) 993 75-49
Email: w.koehler@agr.uni-giessen.de

Dr. Doris Kopahnke

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Epidemiologie und Resistenz
Theodor-Roemer-Weg 4
06449 Aschersleben
Tel.: (03473) 879-132
Fax: (03473) 879-2709

Dr. Viktor Korzun

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-510
Fax: (039482) 5-137
Email: korzun@ipk-gatersleben.de

Dr. Barbara Kosak

Bundesministerium für Ernährung,
Landwirtschaft und Forsten (BML)
Referat 625
Rochusstr. 1
53123 Bonn
Tel.: (0228) 529-4353
Fax: (0228) 529-4276
Email: TKA4353@bml.bund400.de

Dr. Ilona Krämer

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Epidemiologie und Resistenz
Theodor-Roemer-Weg 4
06449 Aschersleben
Tel.: (03473) 879-150
Fax: (03473) 879-2709

Dr. Reiner Krämer

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Gemüse-, Heil- und
Gewürzpflanzenzüchtung
Neuer Weg 22/23
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-597
Fax: (03946) 47-571

Regina Kräuter-Canham

CNRS Straßburg
12, Rue du Général Zimmer
F - 67084 Straßburg
Tel.: 0033 (3) 88 41 72 35
Fax: 0033 (3) 88 61 44 42

Dr. Jochen Kumlehn

Universität Hamburg
Institut für Allgemeine Botanik
Ohnhorststr. 18
22609 Hamburg
Tel.: (040) 822 82-322
Fax: (040) 822 82-229
Email: kumlehn@botanik.uni-hamburg.de

Jan Langbehn

Bundesanstalt für Züchtungsforschung an
Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Gemüse-, Heil- und
Gewürzpflanzenzüchtung
Neuer Weg 22/23
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-591
Fax: (03964) 47-579

Eberhard Laubach

Nordsaat Saatzucht GmbH
Hofweg 8
23899 Gudow-Segrahn
Tel.: (04547) 344
Fax: (04547) 14 17
Email: nord.gudo@t-online.de

Teilnehmerliste

Dr. Hans Lellbach

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtungsmethodik ldw.
Kulturpflanzen
Institutsplatz
18190 Groß Lüsewitz
Tel.: (038209) 45-202
Fax: (038209) 45-120

Prof. Dr. Jens Léon

Rheinische Frd.-Wilhelms-Universität Bonn
Institut für Pflanzenbau
Katzenburgweg 5
53115 Bonn
Tel.: (0228) 73-2878
Fax: (0228) 73-2045
Email: office.plantbreeding@uni-bonn.de

Dr. Hans-Ulrich Leistner

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Epidemiologie und Resistenz
Theodor-Roemer-Weg 4
06449 Aschersleben
Tel.: (03473) 879-0
Fax: (03473) 879-2709

PD Dr. Wolfgang Link

Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen
Tel.: (0551) 39 21 53
Fax: (0551) 36 46 01

Dr. Fritz Matzk

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-232
Fax: (039482) 5-500

Dr. Frank Marthe

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Gemüse-, Heil- und
Gewürzpflanzenzüchtung
Neuer Weg 22/23
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-589
Fax: (03946) 47-579

Dr. Albrecht Meinel

Nordsaat Zuchtgesellschaft mbH
Hauptstr. 1
38895 Böhnshausen
Tel.: (03941) 66 91 13
Fax: (03941) 301 14

Prof. Dr. Volker Melzheimer

Philipps-Universität Marburg
Botanischer Garten
Karl von Frisch Str.
35032 Marburg
Tel.: (06421) 28-1506
Fax: (06421) 28-6659

Anne Mieke

Umweltbundesamt
Sackstraße 6-10
14191 Berlin
Tel.: (030) 8903-3254
Fax: (030) 8903-3380
Email: anne.mieke@uba.de

Karl-Josef Müller

Gesellschaft zur Förderung goetheanistischer
Forschung e.V.
Darzau 1
29490 Neu Darchau
Tel.: (05853) 13 97
Fax: (05853) 13 97
Email: gfgf.kjm@t-online.de

Dr. Eberhard Münch

Zentralstelle für Agrardokumentation
und -information (ZADI)
Informationszentrum für Genetische
Ressourcen (IGR)
Villichgasse 17
53177 Bonn
Tel.: (0228) 934 5238
Fax: (0228) 9548-149
Email: muench@zadi.de

Dr. Thomas Nothnagel

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtungsmethodik bei Gemüse
Neuer Weg 22
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-251
Fax: (03946) 47-579

Dr. Anja Oetmann-Mennen

Austraße 26
53343 Wachtberg
Tel.: (0228) 34 10 55
Fax: (0228) 34 10 53

Andrew Omelchenko

N.I.Vavilov Research Institute of Plant Industry
42, Bolshaya Morskaya str.
190000 St. Petersburg
Russland
Tel.: 007 (812) 311-6117
Fax: 007 (812) 311-8762
e-mail:anom@rgenri.spb.ru

Dr. Frank Ordon

Justus-Liebig-Universität Giessen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Ludwigstr. 23
35390 Giessen
Tel.: (0641) 993 74-45
Fax: (0641) 993 74-29
Email: frank.ordon@agr.uni-giessen.de

Dr. Klaus Pillen

Rheinische Frd.-Wilhelms-Universität Bonn
Institut für Pflanzenbau
Katzenburgweg 5
53115 Bonn
Tel.: (0228) 73 74 00
Fax: (0228) 73 20 45
Email: ulp218@uni-bonn.de

Dr. Gerhard Proeseler

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Epidemiologie und Resistenz
Theodor-Roemer-Weg 4
06449 Aschersleben
Tel.: (03473) 879-112
Fax: (03473) 879-2709

Dr. Klaus Pistrick

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-278
Fax: (039482) 5-155
pistrick@ipk-gatersleben.de

Dr. U.K. Posselt

Universität Hohenheim
Landessaatzuchtanstalt
70593 Stuttgart
Tel.: (0711) 459-2692
Fax: (0711) 459-3841
Email: posselt@pz350.ipsp.uni-hohenheim.de

Dr. Thomas Presterl

Universität Hohenheim
Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung
und Populationsgenetik
70593 Stuttgart
Tel.: (0711) 459-2367
Fax: (0711) 459-2343
Email: Presterl@uni-hohenheim.de

Teilnehmerliste

Marlies Rauber

Karl-Sperling GmbH & Co
Postfach 2640
21316 Lüneburg
Tel.: (04131) 3017-0
Fax.: (04131) 3017-45

Ursula Reinhard

Verein zur Erhaltung der Nutzpflanzen-
vielfalt (VEN)
Sandbachstr. 5
38162 Schandelah
Tel.: (05306) 14 02
Fax: (05306) 14 02

Ricardo Riegel

Rheinische Frd.-Wilhelms-Universität Bonn
Erzberger Ufer 15, Zi. 407
53111 Bonn
Tel.: (0228) 65 36 39
Email: uz55rw@ibm.rhrz.uni-bonn.de

Hilke Riemer

Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen
Tel.: (0551) 39-2153
Fax: (0551) 39-46 01

Prof. em. Dr. Gerhard Röbbelen

Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von Siebold-Str. 8
37075 Göttingen
Tel.: (0551) 39-4361
Fax: (0551) 39-4601

Dr. Steffen Roux

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtung landwirtschaftlicher
Kulturpflanzen
18190 Groß Lüsewitz
Tel.: (038209) 45-312
Fax: (038209) 45-120
Email: grluesew@baz-1.dbr.shuttle.de

Brigitte Ruge

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtungsmethodik Idw.
Kulturpflanzen
Institutsplatz
18190 Groß Lüsewitz
Tel.: (038209) 45-208
Fax: (038209) 45-222

Johannes Schacht

Christian-Albrecht-Universität Kiel
Institut für Pflanzenbau
und Pflanzenzüchtung
Dorfstraße 40a
24109 Meldorf
Tel.: (04340) 80 48
Fax: (04341) 880 2566
Email: app89@rz.uni-kiel.d400.de

Dr. Angelika Schäfer-Menuhr

Baumeisterweg 6
38126 Braunschweig
Tel.: (0531) 68 26 55

Axel Schechert

Universität Hohenheim
Fruwirthstr. 21
70593 Stuttgart
Tel.: (0711) 4 59 27 10
Fax: (0711) 4 59 23 42
Email: axels@pz360.ipsp.uni-hohenheim.de

Dr. Regina Schenk

Humboldt-Universität zu Berlin
Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät
Invalidenstraße 42
10115 Berlin
Tel.: (030) 20 93 83 66
Fax: (030) 20 93 83 57

Andrea Schiemann

Justus-Liebig-Universität Giessen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Ludwigstraße 23
35390 Giessen
Tel.: (0641) 99-374 71
Fax: (0641) 99-374 29
Email: andrea.schiemann@agrar.uni-giessen.de

Antje Schierholt

Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen
Tel.: (0551) 394-360
Fax: (0551) 394-601
Email: aschier@gwdg.de

Prof. emer. F. Wolfgang Schnell

Universität Hohenheim
Institut für Pflanzenzüchtung und
Populationsgenetik
Fruwirthstr. 21
70588 Stuttgart-Hohenheim
Tel.: (0711) 459 31 29

Thorsten Schnurbusch

Bünne 19
37081 Göttingen

Dr. Chris-Carolin Schön

Universität Hohenheim
Landessaatzuchtanstalt
70593 Stuttgart
Tel.: (0711) 459-2687
Fax: (0711) 459-38 41
Email: schoen@uni-hohenheim.de

Dr. Hartwig Schulz

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Qualitätsanalytik
Neuer Weg 22/23
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-231
Fax: (03946) 47-255

Dr. Günter Schumann

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzen
Neuer Weg 22/23
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-580
Fax: (03946) 47-579

Dr. Wolfgang Schütze

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Qualitätsanalytik
Neuer Weg 22/23
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-281
Fax: (03946) 47-255

Dr. Angelika Senula

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-409
Fax: (039482) 5-155

Kurt Skiebe

Harzweg 34
06484 Quedlinburg

Dr. Renate Sobek

Universität Hannover
Institut für Angewandte Genetik
Herrenhäuser Str. 2
30419 Hannover
Tel.: (0511) 762-2672
Fax: (0511) 762-3608

Dr. Karin Sonntag

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtung ldw. Kulturpflanzen
Institutsplatz 1
18190 Groß Lüsewitz
Tel.: (038209) 45-206
Fax: (038209) 45-222
Email: grLuesew@baz-L.dbr.shuttle.de

Dr. Andreas Spanakakis

Strube Saatzucht KG
Postfach 13 53
38358 Schöningen
Tel.: (05354) 809-0
Fax: (05354) 809-66

Teilnehmerliste

Carl-Eckard Specht

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Genbank
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-0
Fax: (039482) 5-155
Email specht@ipk-gatersleben.de

Dr. Petra Straka

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtungsmethodik bei Gemüse
Neuer Weg 22/23
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 47-0
Fax: (03946) 47-255

Rüdiger Stegemann

EcoAgriDev
Bötzen 47
79219 Staufen
Tel.: (07633) 55 69

Dr. Martin Stein

Mettestr. 2
06484 Quedlinburg
Tel.: (03946) 28 00

Karola Stier

SAVE
Am Eschenbornrasen 11
37213 Witzenhausen
Tel.: (05542) 88 45
Fax: (05542) 725 60
Email: kstier.save@t-online.de

Gisela Szigat

Mühlberg 6
18276 Gülzow-Güstrow
Tel.: (03843) 683 336

Georg Szigat

Mühlberg 6
18276 Gülzow-Güstrow
Tel.: (03843) 683 336

Annelies Thiele

Martin-Luther-Universität Halle
Institut für Pflanzenzüchtung und
Pflanzenschutz
Kroppenstedter Str.
39398 Hadmersleben
Tel.: (039408) 234
Fax: (039408) 237

Dr. Ramona Thieme

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtung ldw. Kulturpflanzen
Institutsplatz
18190 Groß Lüsewitz
Tel.: (038209) 45-205
Fax: (038209) 45-120
Email: tt@btl.hro.eunet.de

Jens Vaupel

Georg-August-Universität Göttingen
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Von-Siebold-Str. 8
37075 Göttingen
Tel.: (0551) 392 153
Fax: (0551) 364 601

Rudolf Vögel

Landesanstalt für Großschutzgebiete (LAGS)
Haus am Stadtsee 1-4
16225 Eberswalde
Tel.: (03334) 5822-311
Fax: (03334) 5822-44

Prof. Dr. Eberhard Weber

Martin-Luther-Universität Halle
Institut für Pflanzenzüchtung
und Pflanzenschutz
Berliner Str. 2
06188 Hohenthurm
Tel.: (034602) 546-31
Fax: (034602) 546-17

Dr. Peter Wehling

Bundesanstalt für Züchtungsforschung
an Kulturpflanzen (BAZ)
Institut für Züchtung ldw. Kulturpflanzen
Institutsplatz 1
18190 Groß Lüsewitz
Tel.: (038209) 45-200
Fax: (038109) 45-120
Email: Peter.Wehling@t-online.de

Prof. Dr. G. Wenzel

TU München
Lehrstuhl für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Alte Akademie 12
85350 Freising-Weihenstephan
Tel.: (08161) 71 34 21
Fax: (08161) 71 45 11
Email: Wenzel@mm.pbz.agrar.tu-muenchen.de

Thomas Westermann

Martin-Luther-Universität Halle
Institut für Pflanzenzüchtung
und Pflanzenschutz
Berliner Str. 2
06188 Hohenthurm
Tel.: (034602) 546-31
Fax: (034602) 546-17

Ornela Wilck

Martin-Luther-Universität Halle
Institut für Acker- und Pflanzenbau
Emil-Abderhalden-Str. 25
06108 Halle/S.
Tel.: (0345) 552-2732
Fax: (0345) 552-7130

Dr. G. Wilhelm

BEO Projektträger
Forschungszentrum Jülich GmbH
52425 Jülich
Tel.: (02461) 6127-23
Fax: (02461) 6127-30

Dr. Ruth Wingender

Rheinische Frd.-Wilhelms-Universität Bonn
Institut für Landwirtschaftliche Botanik
Meckenheimer Allee 176
53115 Bonn
Tel.: (0228) 732 833
Fax: (0228) 695 168

Jörg Wunder

Rheinische Frd.-Wilhelms-Universität Bonn
Institut für Landwirtschaftliche Botanik
Meckenheimer Allee 176
53115 Bonn
Tel.: (0228) 732 833
Fax: (0228) 695 168

Hanns-Erich Winkelmann

Norddeutsche Pflanzenzucht
Hans-Georg Lembke KG
Hohenlieth
24363 Holtsee
Tel.: (04351) 736-0
Fax: (04351) 736-298

Dr. Paul Witting

Bundesministerium für Umwelt,
Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU)
Postfach 12 06 29
53048 Bonn
Tel.: (0228) 305-2760
Fax: (0228) 305-2695

Prof. Dr. Ulrich Wobus

Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Corrensstr. 3
06466 Gatersleben
Tel.: (039482) 5-0
Fax: (039482) 5-155
Email: wobus@ipk-gatersleben.de

Prof. Dr. Günter Wricke

Universität Hannover
Institut für Angewandte Genetik
Herrenhäuser Str. 2
34019 Hannover
Tel.: (0511) 762-2670
Fax: (0511) 762-3608