

## Netzwerk zur Erhaltung der Anpassungsfähigkeit von Kulturpflanzen (NEA\*-KULT), Teilvorhaben Wintergerste

*Network for the maintenance of the adaptability of crops (NEA-KULT), sub-project winter barley*

Lothar Frese\*<sup>1</sup>, Marion Nachtigall<sup>1</sup>, Jeanette Rode<sup>2</sup>, Frank Ordon<sup>3</sup> & Jens Léon<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg

<sup>2</sup>Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften, Professur für Pflanzenzüchtung, Betty-Heimann-Str. 3, D-06120 Halle

<sup>3</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg

<sup>4</sup>Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz (INRES), Fachbereich Nutzpflanzen-genetik und Biotechnologie, Nußallee 9, D-53115 Bonn

\* Korrespondierender Autor, lothar.frese@jki.bund.de, +49(0)3946 47701

DOI: 10.5073/jka.2012.436.017

### Zusammenfassung

Dieser Beitrag begründet, weshalb das JKI ein Langzeitprojekt bei Wintergerste koordiniert und 32 genetisch verschiedene Wintergerstensorten nach dem Schema „Multi-parent Advanced Generation Intercross“ kreuzt. Im Jahr 2011 wurde die Erzeugung der zweiten Generation (G2) abgeschlossen. In der ersten Phase des Vorhabens entwickelte Verfahren zur Überprüfung des Kreuzungserfolges mit Mikrosatelliten-Markern sowie geplante Arbeiten werden beschrieben.

**Stichwörter:** Genetische Ressourcen, Anpassungsfähigkeit, MAGIC, Wintergerste

### Abstract

This contribution states why the JKI is coordinating a winter barley long-term project and is performing crosses between 32 genetically distinct winter barley varieties according to the "Multi-parent Advanced Generation Intercross" schema. The production of the second generation (G2) was completed in the year 2011. Procedures developed during the first phase of the project suited for controlling the success of crosses with microsatellite marker as well as planned works are described.

**Keywords:** Genetic resources, adaptability, MAGIC, winter barley

### Einleitung

Das Ziel besteht in der kostengünstigen Verbesserung von Populationen der Wintergerste durch natürliche Selektion bei gleichzeitiger Minimierung des Verlustes günstiger Allele (LÉON *et al.*, 2008). Ein entsprechendes Managementverfahren konzipierte eine französische Arbeitsgruppe (HENRY *et al.*, 1991). Das Verfahren wurde unter der Bezeichnung „dynamic management“ erfolgreich erprobt, wie GOLDRINGER *et al.* (2001) zeigten. Im Jahre 1984 gründete die Arbeitsgruppe einen Kooperationsverbund für die Durchführung des Langzeitexperimentes. Als Versuchsmaterial standen drei Kreuzungspopulationen des Weizens zur Verfügung, die ab dem Jahr 1984 an 7 bis 12 Standorten in Frankreich über mehrere Jahre ohne züchterische Auslese reproduziert wurden. Nach sechs Jahren der Reproduktion an diesen Standorten waren erste, durch standortspezifische Anpassung verursachte, signifikante genetische Unterschiede zwischen den Teilpopulationen zu erkennen. Nach Ablauf von weiteren sieben Jahren veröffentlichten GOLDRINGER *et al.* (2001) eine zusammenfassende Analyse und Bewertung der Ergebnisse. Ihre Arbeiten bei Weizen zeigen, dass für den Erhalt der ursprünglich in einer Kreuzungspopulation vorhandenen genetischen Variabilität bereits sieben bis zwölf ökogeographisch kontrastierende Standorte ausreichend sind. Allele, die in

einer Teilpopulation durch Drift und standortspezifischen Selektionsdruck verloren gingen, blieben in anderen Teilpopulationen erhalten. Das Managementverfahren ist den Ergebnissen bei Weizen zufolge sowohl verlustfrei als auch sicher. Darüber hinaus entstehen auf kostengünstige Weise an unterschiedliche Umweltbedingungen angepasste Ausgangspopulationen für die Pflanzenzüchtung. GOLDRINGER *et al.* (2001) wiesen ferner nach, dass auch eine langfristig tragende Organisationsform für die praktische Durchführung gefunden werden kann.

Die Entwicklung von Strategien zur Erhaltung und Erweiterung genetischer Diversität in landwirtschaftlichen Nutzungssystemen ist ein besonderes Anliegen des BMELV (BMELV, 2007). Deshalb entwickelte der Beratungs- und Koordinierungsausschuss für genetische Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen (BeKo) auf der Grundlage von Fachgesprächen verschiedene Lösungsansätze, unter anderem eine langfristige Strategie für das Management genetischer Ressourcen in Anlehnung an das skizzierte französische Langzeitexperiment. Die bislang am Julius Kühn-Institut durchgeführten Arbeiten bei Wintergerste werden dargestellt.

### **Material und Methoden**

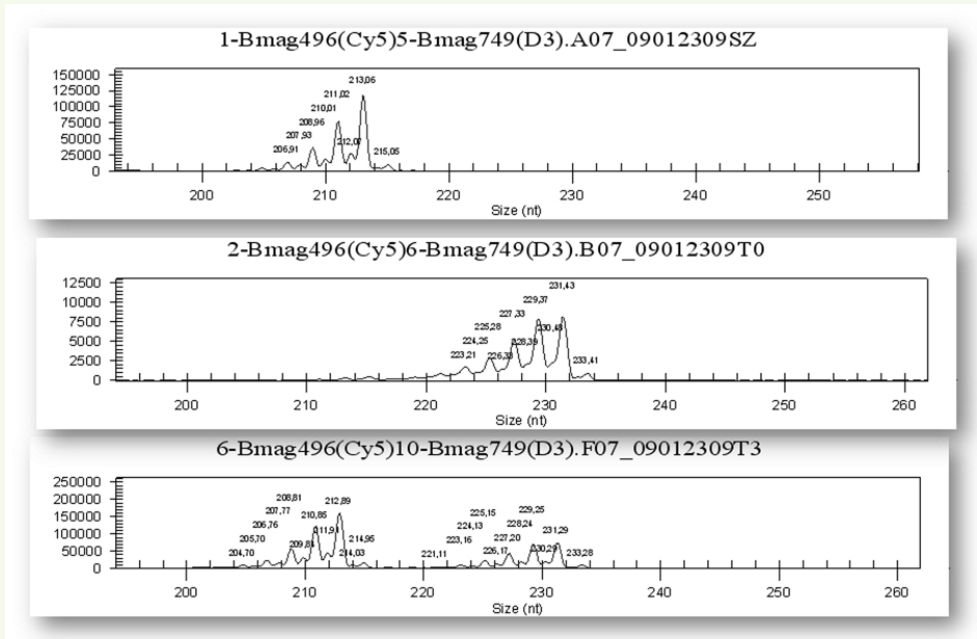
Im Jahr 2007 begann der Aufbau einer hoch variablen Population. Als Ausgangsmaterial standen 227 Gerstensorten zur Verfügung, die im Zeitraum von 1914 bis 2003 gezüchtet wurden. Aufgrund von Vorarbeiten (REETZ, 2004; ORDON *et al.*, 2005) wurden 58 Sorten ausgewählt und die genetischen Distanzen zwischen ihnen mit 20 SSR-Markern ermittelt. Genetische Variation wird nach dem Schema Multi-parent Advanced Generation Intercross (MAGIC) von CAVANAGH *et al.* (2008) erzeugt.

### **Ergebnisse**

Die genetischen Distanzen aller 58 Genotypen wurden durch die Hauptkoordinatenanalyse geschätzt und anschließend 32 möglichst divergente Genotypen als Kreuzungspartner ausgewählt. Diese wurden in 4 Gruppen (LÉON *et al.*, 2008) eingeteilt. Zur Herstellung der Generation 1 (G1) wurden Eltern innerhalb eines Quadranten ausgewählt und gekreuzt. Im Jahr 2010/2011 wurde die Erzeugung der G2 abgeschlossen.

Die fehlerfreie Auswahl von Eltern für den jeweils folgenden Kreuzungszyklus ist für die spätere wissenschaftliche Auswertung entscheidend. Fokussiert auf die Entwicklung eines markergestützten Prüfsystems wurden deshalb die 32 Genotypen mit 70 SSR-Markern gescreent, um polymorphe Marker zur Überprüfung des Kreuzungserfolges zu identifizieren. Insgesamt wurden 16 SSR-Marker selektiert, die eine Verifizierung von G1-Pflanzen gestatten (Abb. 1).

Im Winter 2011/12 erfolgt die Überprüfung der Nachkommenschaften aus Kreuzungen von G1-Individuen. Abb. 2 illustriert das Verfahren zur Auswahl von G2-Pflanzen, die zur Erzeugung der G3 verwendet werden.



**Abb. 1** Identifikation einer G1-Pflanze aus der Kreuzung von Cervoise x Vulcan mittels Polyacrylamidgelelektrophorese. Die Kreuzungseltern (oberes und mittleres Diagramm) zeigen bei der Analyse des Markers Bmag496 jeweils ein Allel mit einer spezifischen Größe. Eine G1-Pflanze (unteres Diagramm) muss am gleichen Locus die Allele beider Eltern aufweisen. Selbstungen zeigen dagegen nur das Allel des mütterlichen Elters.

**Fig. 1** Identification of a G1-plant from a cross between the varieties Cervoise x Vulcan using polyacrylamide gel electrophoresis. The parents (upper and central diagram) each show an allele of the marker Bmag496 with a variety specific size. A G1-plant (lower diagram) must show the specific alleles of both parents at the same locus whereas selfings would show the allele of the seed parent, only.

Eltern	Abstammung von G1-1				Abstammung von G1-2		
	Sorna	x	Gaulois	x	Vulcan	x	Cervoise
G1-1 x G1-2							
<b>Bmac 93</b>	161	x	161		157	x	157

**Abb. 2** Der Mikrosatelliten-Marker Bmac93 eignet sich zur Identifikation von Pflanzen in der entsprechenden G2-Nachkommenschaft. G1-1 ist für das Allel mit einer Fragmentgröße von 161 bp und G1-2 für das Allel mit einer Fragmentgröße von 157 bp monomorph. In einer G2-Pflanze sind daher beide Allele zu erwarten.

**Fig. 2** The microsatellite marker Bmac93 is suited for the identification of G2-plants in the respective cross offspring. G1-1 is monomorphic for the allele with a fragment size of 161 bp while G1-2 is so for the allele with a fragment size of 157 bp. In a G2-plant both alleles are to be expected.

## Planung des Netzwerkes

Nach der Vermehrung der G3 am Standort Quedlinburg wird die G4 voraussichtlich im Jahr 2014 zur Verfügung stehen. Das G4-Saatgut wird aufgeteilt und an mindestens 12 ökogeographisch kontrastierenden Standorten (das „Netzwerk“) über einen Zeitraum von mindestens 8 Jahren angebaut. Der Aufbau des Netzwerkes beginnt im Jahr 2012.

## Schlussfolgerungen

Mit dem hier dargestellten Vorhaben setzt das Julius Kühn-Institut Empfehlungen des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen um. Im Verlauf der kommenden Jahre entstehen Forschungsmaterial für hochauflösende QTL-Kartierungen bei Gerste mittels assoziationsgenetischer Studien (LÉON *et al.*, 2008) und an den Klimawandel angepasste Genotypen der Wintergerste auf züchterisch interessantem Leistungsniveau. Wie GOLDRINGER *et al.* (2001) bei Weizen zeigten, ermöglicht ein Netzwerk die Bearbeitung verschiedenster evolutionsbiologischer Fragestellungen auch im Bereich der Phytopathologie und Resistenzgenetik.

## Danksagung

Viele Experten waren an der Beratung und Planung des Vorhabens beteiligt. Besonderer Dank gilt der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), die das Vorhaben auch finanziell unterstützte und allen Personen, die bislang mithalfen und beständiges Interesse am Fortgang des langfristigen Vorhabens zeigen.

\*Nea: griechisch „neu“. Auch Kurzform des schwedischen weiblichen Vornamens Linnea, der vom Namen des Botanikers Carl von Linné abgeleitet wurde.

## Literatur

BMELV (Hrsg.), 2007: Agrobiodiversität erhalten, Potenziale der Land-, Forst-, und Fischereiwirtschaft erschließen und nutzen. Eine Strategie des BMELV für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt für die Ernährung, Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft. Bonn, BMELV.

CAVANAGH, C., M. MORELL, I. MACKAY und W. POWELL, 2008: From mutations to MAGIC: resources for gene discovery, validation and delivery in crop plants. *Current Opinion in Plant Biology*, **11**, 215-221.

GOLDRINGER, I., J. ENJALBERT, J. DAVID, S. OAILLARD, J. L. PHAM und P. BRABANT, 2001: Dynamic management of genetic resources: a 13-year experiment on wheat. In: *Broadening the genetic base of crop production*. Eds.: COOPER, H. D., C. SPILLANE und T. HODGKIN, Rome, IPGRI/FAO, 245-260.

HENRY, J. P., C. PONTIS, J. DAVID und P. H. GOUYON, 1991: An experiment on dynamic conservation of genetic resources with metapopulations. In: *Species conservation: a population-biological approach*. Eds.: SEITZ, A. and V. LOESCHKE, Basel, Birkhäuser Verlag, 185-198.

LÉON, J., J. RODE, L. FRESE, J. AHLEMEYER und F. ORDON, 2008: Aufbau von genetisch diversen Ramschpopulationen für die Wintergerstenzüchtung. In: *Mitt. Ges. Pflanzenbauwiss., Band 20 und Vortr. Pflanzenzücht., Band 77*. Hrsg.: HOFFMANN, S., A. HERRMANN und F. TAUBE, Kiel, Verlag Schmidt & Klaunig KG, 166-169.

ORDON, F., J. AHLEMEYER, K. WERNER, W. KÖHLER und W. FRIEDT, 2005: Molecular assessment of genetic diversity in winter barley and its use in breeding. *Euphytica* **146**, 21-28.

REETZ, T. C. und J. LÉON, 2004: Die Erhaltung der genetischen Diversität bei Getreide. Auswahl einer Gersten Core-Collection aufgrund geographischer Herkunft, Abstammung, Morphologie, Qualität, Anbaubedeutung und DNA Markeranalyse. Institut für Pflanzenbau, Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung. Forschungsvorhaben im Auftrag des Ministeriums für Umwelt und Naturschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-Westfalen, Bonn, Forschungsbericht Nr. **119**, ISSN 1610-2460.