

Sonstiges

Beim Screening von Gerste auf Krankheitsresistenz, Phänologie und Nährstoffeffizienz fand Pirjio PELTONEN-SAINIO (MTT Agri-food, Finnland) große Variationsbreite. Im Schnitt zeigten moderne Sorten gesteigerte Resistenz, leicht spätere Reife, bessere N-Aufnahme, aber nicht immer bessere N-Verwertungseffizienz als alte Sorten oder Landrassen. Letztere können wertvolle spezifische Resistenzen einbringen. Weitere Themen waren Embryogenese aus somatischen Zellen (Tereza SALAJ, Slowakische Akademie der Wissenschaften), parasitische Pflanzen (*Striga*, *Orobancha*, *Viscum*, *Cuscuta*) im südeuropäischen Leguminosenanbau und Möglichkeiten einer Resistenzzüchtung, z.B. durch fehlende Keimstimulierung (Diego RUBIALES, Instituto de Agricultura Sostenible, IAS-CSIC Cordoba, Spanien) und die Induktion von Virusresistenzen durch RNA-Interferenz (Andreas VOLOUDAKIS, Landwirtschaftliche Universität Athen, Griechenland).

Relevanz für das Julius Kühn-Institut

Das Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) war durch den Berichtersteller mit einem eingeladenen Beitrag zu fruchtartsspezifischen Informationssystemen als Mittel zur Etablierung guter Phänotypisierungspraxis vertreten.

Das Netzwerk ist von hoher Relevanz vor allem im Hinblick auf gegenwärtige Bestrebungen zum Aufbau eines Translationsnetzwerks FZ Jülich – JKI zur Phänotypisierung. Phänotypisierung wird zunehmend als der entscheidende Engpass auch für die Nutzung genomischer Methoden (markergestützte und genomische Selektion, Assoziationsanalysen) erkannt. Eine Automatisierung, wie sie zum Aufschwung der Genomforschung in den letzten Jahrzehnten geführt hat, wird derzeit in der Phänotypisierung entwickelt. Das IPK, mit dem das JKI eine Kooperationsvereinbarung hat, ist in dieser Entwicklung bereits ein starker Partner und Mitglied in der COST-Aktion. Das IPK wird vom 22. bis 24. Juni 2015 in Gatersleben das erste allgemeine (Themen aller Arbeitsgruppen umfassende) Treffen der COST-Aktion veranstalten (http://meetings.ipk-gatersleben.de/COST_IPK_2015/index.php). Die Teilnahme ist gebührenfrei. (Stand: März 2015)

Christoph GERMEIER
(JKI Quedlinburg)

Wissenschaft trifft Poesie

Im Rahmen der 4. Quedlinburger Pflanzenzüchtungstage verbunden mit den 17. Kurt-von-Rümker-Vorträgen, die am 25./26. März 2015 gemeinsam veranstaltet vom Julius Kühn-Institut (JKI) und der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ) in Quedlinburg stattfanden, hat sich Frau Sarah SCHIESSL von der Justus-Liebig-Universität Gießen mit einem außergewöhnlichen Vortrag um den Kurt-von-Rümker-Preis beworben. Der Kurt-von-Rümker-Preis wird in Gedenken an den Namensgeber, der die erste akademische Vorlesung zur Pflanzenzüchtung im Sommersemester 1889 in Göttingen gehalten hat, von der GPZ für den besten Vortrag eines Nachwuchswissenschaftlers auf dem Gebiet der Pflanzenzüchtung vergeben. Frau SCHIESSL trug die Ergebnisse ihrer Promotion in Form von Sonetten vor. Diese, sowie vorab eine wissenschaftliche Zusammenfassung finden Sie im Folgenden.

Blühzeitpunkt, Entwicklung und Ertrag in Raps (*Brassica napus* L.): Sequenzdiversität in regulatorischen Genen

Der Blühzeitpunkt ist ein wesentlicher Anpassungsfaktor an ein Habitat. Die Kenntnis der genetischen Regulation dieses Merkmals ist deshalb bei der Züchtung angepasster Sorten wichtiger Kulturpflanzenarten hilfreich. Da viele der heutigen Kulturpflanzenarten polyploid sind, werden dazu entsprechende genetische Modelle benötigt. Die Ölpflanze *Brassica napus* (Raps) ist mit der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* (Acker-Schmalwand) nah verwandt und stellt daher ein geeignetes System zur Erforschung von polyploiden Einflüssen auf komplexe genetische Netzwerke dar. Zur Offenlegung der genetischen Diversität des Blühnetzwerks in *B. napus* verfolgte diese Arbeit drei Ziele: (1) die Identifikation einer Reihe von repräsentativen *B. napus*-Orthologen des Blühgen-Netzwerks in *A. thaliana*, (2) die Beleuchtung der allelischen Diversität in diesen *B. napus*-Genen und (3) die Verknüpfung dieser Diversität mit der phänotypischen Variation in Blühzeitpunkt, Pflanzenleistung und Entwicklungsmerkmalen.

In einer ersten Studie wurde die Sequenzähnlichkeit von verschiedenen Kopien eines Gens dazu genutzt, diese Kopien durch sequenzspezifisches Anreichern aus einer Bibliothek von DNA-Fragmenten zu isolieren (*sequence capture*). Die Ergebnisse zeigten für vier unterschiedliche *B. napus*-Morphotypen eine hohe strukturelle Konservierung der Hauptkomponenten des Blühnetzwerks in *A. thaliana*, nämlich für Winter-Ölraps, Winter-Futerraps, Sommer-Ölraps (alle *B. napus* ssp. *napus*) und Kohlrübe (*B. napus* ssp. *napobrassica*). Innerhalb der Art gab es eine große Streubreite an Polymorphismen. So zeigte beispielsweise der Sommerraps 'Campino' in drei seiner vier Kopien von *Bna.FRI* SNPs, die voraussichtlich eine Veränderung der Proteinsequenz nach sich ziehen.

Weiterhin standen für eine genomweite Assoziationsstudie phänotypische Daten für Blühzeitpunkt, Pflanzenhöhe und Ertrag aus 11 unterschiedlichen Umwelten in Deutschland, Chile und China zur Verfügung. Als genetische Marker konnten 21623 Einzelnukleotidpolymorphismen (SNPs) verwendet werden, die durch den *Brassica 60K-SNP Illumina® Infinium consortium array* ausgelesen worden waren. Das genetische Material, das für diesen Ansatz verwendet wurde, bestand aus 140 angepassten Winterrapslinien, das dem ERANET-ASSYST-Diversitätsset entnommen worden war.

Die Ergebnisse dieses zweiten Ansatzes unterstützten die Annahme, dass Blühzeitgene an der Regulation anderer Parameter von Biomasse und Samenertrag beteiligt sind. Blühgene wie *Bna.FT* wurden in assoziierten Genregionen für Pflanzenhöhe und Ertrag gefunden. Durch die Analyse der Daten basierend auf absoluten wie auch auf relativen Werten konnte zwischen populationsspezifischen und umweltspezifischen Faktoren unterschieden werden. So konnte beispielsweise eine genetische Region um den Temperaturregulator *Bna.TFL1* umweltspezifisch nur im warmen Frühjahr 2011 assoziiert werden. Klassische Blühregulatoren wie *Bna.CO* und *Bna.FLC* wurden in diesen Regionen nicht gefunden, hingegen viele Gene, die vermutlich analog zu *Arabidopsis* mit dem Gen *Bna.SOC1* interagieren. Die Variation der Blüte scheint in Winterraps daher eher auf Variation in Genen zurückzugehen, die in der Signalkaskade stromabwärts liegen.

Weiterhin implizierten verschiedene Ergebnisse beider Studien eine wichtige Rolle der Gendosierung in Polyploiden, so zum Beispiel die Kopienanzahlvariation der Gene *Bna.CO* und *Bna.TEM1*. Die Ergebnisse der genomweiten Assoziationsstudie ergänzten das Bild, indem sie für die Regulation der Blüte eine entscheidende Rolle für epigenetische und posttranskriptionelle

Prozesse aufzeigen. Deren Bedeutung für einen umweltspezifischen Blühzeitpunkt wurde beispielsweise durch das Kandidatengen *Bna.FRI* hervorgehoben, das ausschließlich in der subtropischen Klimazone assoziiert gefunden wurde und in *A. thaliana* als Gerüstprotein an der epigenetischen Stilllegung des zentralen Vernalisationsgens *FLC* mitwirkt.

Das mit diesen Studien zur Verfügung stehende Material ist eine wertvolle Datenquelle für weitere genetische Studien in *Brassica*-Arten und letztendlich auch für Züchtungsprogramme. Darüber hinaus sind diese beiden Studien ein Beispiel für eine erfolgreiche Strategie bei der Offenlegung genetischer Diversität und ihrer phänotypischen Folgen in einer allopolyploiden Art.

Von Blüten und von Genen und jeder Menge Gelb

I. Von der Bedeutung der Blüte

Oh Blütenglanz! Schon Goethe trieb's dazu
Dein Wirken, Deinen Einfluss zu begreifen,
wie wohl Dein Aufbau, Dein Entstehen, Du,
das Korn am Ende trefflich ließe reifen.

Der Dichter ahnte nichts von Gen und Protein,
doch sah er schon, es sei nicht einerlei
ob etwa Dünger Dir dazu die Kraft verleiht
und obs wohl früher oder später sei.

Viel andre haben Dich seitdem besehen,
getrieben, Deine Kräfte zu verstehen,
zu fassen, ob, was Dich zum Leben bringt,

dasselbe sei, warum die Körner schwellen,
ob andererseits Dein Einfluss auf verschiedene Stellen
entscheidet, ob des Kornes Kraft gelingt.

II. *Arabidopsis* ist nicht genug

Seit Mendel hat man etwas mehr verstanden,
mehr Erbsen ausgezählt und überlegt.
Was Wunder, dass sie sich ein Pflänzchen fanden,
das man seitdem sehr intensiv umhegt.

Die Forscher nämlich, und der Forscher Hände,
umsorgen ein gar unscheinbares Kraut.
Aus tausend Schnipseln haben sie behende
ein recht genaues Genmodell gebaut.

Doch ach, so schön es ist, die kleine Pflanze
schmeckt leider nicht, was nützt das Ganze
der Menschheit also bei der Landwirtschaft?

Gebraucht wird also ein recht nah Verwandter,
damit uns auch das Genmodell bekannter,
der trotzdem täglich Kalorien schafft.

III. Modell einer polyploiden Kulturpflanze

So weit das Auge reicht, stehn gelbe Blüten,
ein Nektarmeer, in dem die Bienen tauchen,
die Bauern sieht man nur noch an den Hüten,
und hört im Summen kaum ihr frohes Hauchen:

„Ein Lob sei dem, der endlich klug erkannte,
dass wertvoll Öl und Eiweiß in Dir steckt,
der Zeit und Züchtung glücklich an Dich wandte,
Dein schlafend Kapital für uns geweckt!“

So spricht der Landwirt, und der Forschergeist
sieht ahnungsvoll, auch diese Gattung heißt
wie fürs Modell Brassicaceae, wie man liest.

Doch dieser gelbe Raps, der hier beschrieben,
ist leider poly- und nicht diploid geblieben,
sodass er nunmehr „eins und doppelt“ ist.

IV. Alles zum Blühen bringen

Man weiß aus dem Modell, gar viele Gene
sind aufgestellt, die Blüte zu bestimmen.
So viele, dass ich, wenn ich sie erwähne,
ein Wortgebirge müsste gar erklimmen.

Drum nenn ich drei nur, die man hören muss,
weil ohne sie kein Vortrag funktioniert:
FT heißt eins, das mit dem Phloemfluss
zur Spitze treibt und das Gewebe reguliert.

Doch dieses hängt von zweien andren ab,
das eine hemmt es, bis des Winters Stab
darüber ging und es zum Schweigen bringt.

Das nennt man *FLC*. Das andre aber, mit *FT* im Bunde
das nennt man *CONSTANS*, und es macht die Runde,
sobald die Sonne früher steigt und später sinkt.

V. Die Summe der Teile

Man ahnt es schon: mit solcher Leichtigkeit
ist's nicht getan, da ist noch mehr verborgen,
schon im Modell macht manche Schwierigkeit
der armen Forscherin Verdruss und Sorgen.

Und wer dann weiterschreitet über Artengrenzen,
sich staunend dann im Rapsgenom verliert,
der wundert sich, dass doch im warmen Lenzen
kein Gen vergisst, wie es im Winter friert.

Denn vielfach öfter finden sich diegleichen,
kopiert in großer Zahl, und manche Leichen
sind auch darunter und tun nichts dazu,

doch welche leben noch, und welche wandeln
die Zeit der Blüte wirklich, welche handeln
dem Korn die Stärke ein und seine Ruh?

VI. Fischen im Trüben

Doch solche Fragen trefflich zu erwidern,
genügt kein Würfelspiel und keine Grübeleien.
Man wähle eine Strategie mit vielen Gliedern,
und keins der Glieder nennt man Zauberei.

Denn erstens kennt man des Modells Sequenzen,
Der Basenpaare lustger Folgen Sinn,
und weiß dazu, dass in gewissen Grenzen
Die Ähnlichkeit zum Rapse reichet hin.

Ja, sie reicht hin, um gut damit zu fischen.
Drum sei sie Köder, das damit zu mischen,
was ohne unsre Angel still verdümpelt.

Und weil der Köder jedes Abbild findet
und fest und unerbittlich an sich bindet,
ist, was man hebt, von allem sonst entrümpelt.

VII. Des Schatzes reiche Vielfalt

Und endlich ward die Referenz erreichbar,
ein weitres Glied in unsrer Strategie,
und machte, was wir hoben, gar vergleichbar,
solch hohe Einsicht hatten wir noch nie.

Wir fanden für die Basen Positionen,
wir sahen, dass sich manche unterscheiden,
darunter welche, die der Änderung schonen,
und andre, deren Proteine leiden.

Und fanden auch, es war nicht immer gleich,
manch Sorte war an manchen Genen reich,
wo es bei andren Sorten grade nicht mehr langte.

Und wir sortierten und benannten unsre Schätze,
wir zählten sie nach Anzahl ihrer Plätze,
die gar von zweien bis auf zwölfte schwankte.

VIII. Lehren I

So fanden wir zum Beispiel so zwei Gene
in wohl verschiedner Zahl in allen Sorten.
Das eine, *CONSTANS*, ist das jene,
das andre, *TEMPRANILLO*, sei mit Worten,

noch kurz umrissen, um das nächste zu verstehen:
mit *FLC* im Nacken und *CONSTANS* an der Seite
ists auserkoren, große Dienste zu versehen:
dass *FT* sich nicht gar zu früh zum Spross bereite.

So sei es an der Waage zwischen diesen beiden
letztendlich über Spross und Blüte zu entscheiden,
wer von den beiden sich wohl stärker exprimiere.

Doch da die Zahl der beiden in verschiedenen Formen
gar deutlich abweicht von gesetzten Normen,
erklärt sich draus, wer sich zuerst mit Blüten ziere.

IX. Lehren II

Von einem andren Gen, das wohl bekannter,
man nennt es *FRIGIDA*, es flieht die Kälte,
und macht die Expression von *FLC* gewandter,
wär anzunehmen, dass es manchmal fehlte.

Und zwar in jenen Formen, die der Winter
nicht rühren muss, damit sie blühen lernen,
da stecken diese beiden wohl dahinter,
wenn beide oder einer sich entfernen.

Doch alle waren, wie es schien, vorhanden,
die Anzahl machte also nichts zuschanden,
doch schienen drei im Protein zerschlagen.

Und als ich nachlas, fand ich, dieses sei plausibel,
denn ähnliches schrieb Wang in seiner Fibel,
drum wollt auch ich mich an die These wagen.

X. Ist das so

Doch aus vier Sorten lässt sich wenig machen,
drum schritt ich weiter aus, zu neuer Blüte,
und griff mir neue Daten, SNPs und solche Sachen
und strickte Analysen neuer Güte.

Und zwar beschloss ich, ganz genau zu testen,
ob einer dieser SNPs in solcher Nähe
zu einem Blühgen sei, und zwar am besten
so nah daran, dass man die Nähe sähe.

Denn was einander nah ist, bleibt beisammen
und ist sich treu, wenn der Meiose Flammen
rekombinierend durch das Genom brennen.

So lässt sich von dem Nahen auf das Nächste schließen,
wenn SNPs und Gen zusammen fließen
und muss nur Block von Blöckchen trennen.

XI. Nicht gefunden

So schritt ich durch die Landschaft meiner Gene
und fand verwundert, nichts sei, wie vermutet,
so zeigten *FLC* und *CONSTANS* keine Zähne
doch war mit Unbekannten ich geflutet.

In China fand ich *FRIGIDA*, die Alte,
und doch, in Deutschland blieb die Gute still.
Ob wohl der deutsche Winter, dieser kalte
sie niederringt, egal, ob sie es will?

Und *FT*, dieses Gen, von dem ich glaubte,
dass es der Blüte Änderung doch erlaubte,
fand sich als Kandidat für den Ertrag.

Auch viele andre, die ich sequenzierte,
warn leider keine, die ich korrelierte,
ob das am Ende an der Vielfalt lag?

XII. Gefunden

Dafür war *TFL*, das erste, immer
im trocknen deutschen Frühjahr elf zu sehen.
Ich las, es diente im Modell als Dimmer
um temperierend den Prozess zu drehen.

Und viele fand ich, die zusammen schaffen
rund um das Gen *SOC1*, das selbst nichts zeigt
Es wirkt als Integrator, alles das zu raffend,
was an Signalen in den Pathway steigt.

Und viele warn Histone, wie ich merkte,
oder ihr Freund, der sie noch stärkte,
das Chromatin zu binden und zu stimulieren.

So schien es mir am Ende, dass die frühe,
die erste Regulierung hier nicht blühe,
doch dass die späten Gene alles modulieren.

XIII. Die Prozesse

Um aus dem Ganzen endlich das zu sieben
was an Prozessen wichtig ist und Einfluss hat
ließ ich GO terms ineinander schieben
um dann zu sehen, welcher findet statt.

In den Bereichen, die hier assoziieren
fand ich gehäuft Prozesse, die die Base
des Nukleins methylyig schön verzieren
die RNA bekleben, je nach Phase.

Da schloss sich dann der Bogen in den Kreis,
denn wenn man über *FLC* das eine weiß,
dann dieses, dass das Chromatin es reguliert.

So wär es denkbar, große Unterschiede
sind abgelegt in einem Basengliede,
die kleinen aber, die sind moduliert.

XIV. Weiter so

So also wollen wir nun weiter schreiten:
Wir wollen nun in großen Mengen fischen
zu sehen, ob zu allen untersuchten Zeiten
sich unsre Gene nicht doch drunter mischen.

Und später dann, da wollen wir die kleinen
die micro-RNAs dann sequenzieren.
Ob deren Expressionen sich vereinen
mit Genen die sich runter regulieren.

Viel gibt es noch zu finden, zu verstehen,
allein, ein wenig konnten wir schon sehen
von Blüten und von Genen und jeder Menge Fragen.

Doch Goethe wäre, hoffe ich, zufrieden
dass wir das Weiterfragen niemals mieden,
und Sie hier sind es auch auf diesen Züchtertagen.

Kontakt: Sarah Schießl, Institut für Pflanzenzüchtung, Justus-
Liebig-Universität, IFZ, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen
Sarah SCHIESSL (Gießen)
Frank ORDON (Quedlinburg)

Neues aus der Deutschen Genbank Obst (DGO):

Das ZGT in Quedlinburg-Ditfurt – ein junger Standort für das Versuchswesen und die Sortenerhaltung im Obstbau

Die Entwicklung des Obstbaus in Quedlinburg/Ditfurt und damit auch der Beitrag des Zentrums für Gartenbau und Technik (ZGT) zum Genbanknetzwerk der Deutschen Genbank Obst ist eng mit der Geschichte und dem Schicksal des Reiser Muttergartens in Tundersleben bei Magdeburg verwoben.

Das ZGT der Landesanstalt für Landwirtschaft Forsten und Gartenbau (LLFG) in Sachsen-Anhalt steht zwar auf „gärtnerisch, historischem Boden“, jedoch konnte der Obstbau hier in Quedlinburg/Ditfurt allerdings erst nach der Wende Fuß fassen.

Das 1937 gegründete Versuchs- und Forschungsinstitut für Technik im Gartenbau hatte die Prüfung der für den Gartenbau benötigten Geräte, Maschinen und technischen Anlagen zur Auf-

gabe sowie die Forschung zur Klärung technologischer Fragen zum Technikeinsatz im Gartenbau. Begleitet wurde diese Prüf- und Forschungstätigkeit am Standort durch die Ausbildung und Beratung von Gärtnern im Umgang mit der Gartenbautechnik.

1949 wurde das Institut, kurz vor der Staatsgründung der DDR, als gärtnerisch-technisches Institut zur Zentrale für Landtechnik in Berlin zugeordnet und 1951 als Zweigstelle für Gartenbautechnik des Instituts für Agrartechnik der neugegründeten Deutschen Akademie der Landwirtschaftswissenschaften eingerichtet. 1955 erfolgte die Übernahme durch die Fachschule für Gartenbau in Quedlinburg als Abteilung Technik im Gartenbau. Im Ergebnis der zentralen Gartenbaukonferenz in Erfurt wurde 1961 beschlossen, die Abteilung Technik der Fachschule für Gartenbau in Quedlinburg zur zentralen Ausbildungsstätte für Gartenbautechnik in der DDR aufzubauen. Bis heute blieb die Ausbildung an der Technik im Gartenbau ein zentrales Tätigkeitsfeld am Standort in Quedlinburg/Ditfurt. Das pflanzenbauliche Versuchswesen war in der Zeit bis zur Wende auf die Produktion von Gemüse und Zierpflanzen unter Glas ausgerichtet, ab 1981 unter der Rechtsträgerschaft des Institutes für Züchtungsforschung Quedlinburg als Abteilung „Versuchsgärtnerei Quedlinburg/Ditfurt“. Obstgehölze waren in all diesen Jahren nicht Gegenstand des Versuchswesens an diesem Ort.

Nach der politischen Wende und der Schaffung des Bundeslandes Sachsen-Anhalt zog mit der Gründung der Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau und Technik des Landes am 01.09.1992 auch der Obstbau in das praxisorientierte Versuchswesen am Standort Quedlinburg/Ditfurt ein.

Dr. E. ROTH, ehemaliger Dezernatsleiter Obstbau, teilte in einem Schreiben Mitte Oktober 1993 an Herrn Prof. Dr. JACOB von der Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Obstbau, mit: „...dass die Lehr- und Versuchsanstalt bereit sei, im Rahmen der gegebenen Möglichkeiten im Arbeitskreis „Koordinierung obstbaulicher Leistungsprüfungen“ mitzuwirken. Weiterhin stehe zurzeit kein Baum, so dass gezielt angelegte Versuchsprogramme und bundesweite Versuche durchgeführt werden könnten.“

Die ersten Schritte des obstbaulichen Versuchswesens am ZGT wurden damit gegangen. Bis zum Sammlungsbeitrag zur Deutschen Genbank Obst musste jedoch noch ein zum Teil recht steiniger Weg zurückgelegt werden. Die Sammlung des ZGT fand ihren Ursprung im „geretteten“ Pflanzenbestand des Reiser Muttergartens Magdeburg, welcher ursprünglich 2008 mit seinem Kirschensortiment sammlungshaltender Partner der Deutschen Genbank Obst wurde.

Die Geschichte des Reiser Muttergartens begann 1949 mit dem Aufbau eines Süßkirschen-Sortiments in Magdeburg/Ottersleben, welches mit der Zeit um Apfel, Birne, Pflaume und Sauerkirsche ergänzt wurde. Der Sortenspiegel von 1954 wies bereits über 1000 Sorten aus: 450 bei Apfel, 196 bei Birne, 210 bei Süßkirsche, 110 bei Sauerkirsche sowie 95 bei Pflaume und Zwetsche.

1956 wurde die Magdeburger Sammlung zur Versuchsstation der Obstbaulichen Baumschulforschung, hier erfolgte unter anderem auch die Prüfung von Sorten-Unterlagen-Kombinationen. In enger Zusammenarbeit mit dem Institut für Phytopathologie in Aschersleben wurden Virustestungen durchgeführt und ein virusfreier Kernbestand aufgebaut, welcher 1991 aus Aschersleben nach Magdeburg verlagert wurde.

Im Januar 1994 übernahm das damalige Landespflanzen-schutzamt Sachsen-Anhalt die Leitung des Reiser Muttergartens.

Im Juli 1995 schlossen die Länder Thüringen, Sachsen und Sachsen-Anhalt einen Vertrag über das gemeinsame Betreiben des Reiser Muttergartens zur Bereitstellung von zertifiziertem Reiser material für Baumschulen. Die Gründung des gemeinsamen Fachbeirates zur Kontrolle der Finanzmittel, einer gemeinsamen Sortimentsentwicklung und der Bestimmung des Abgabepreises für Reiser material erfolgte im Februar 1996.