

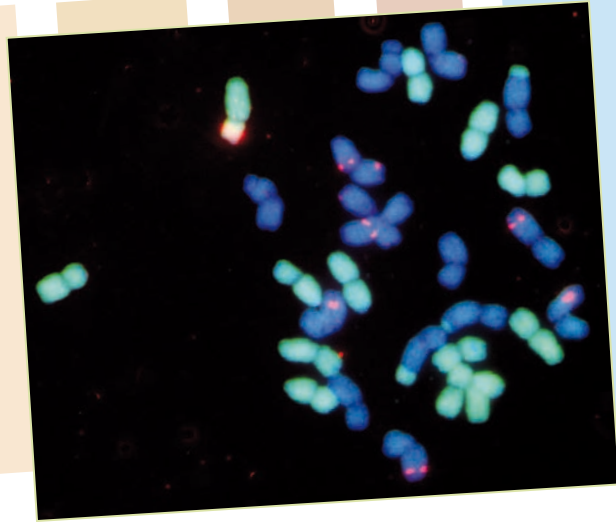
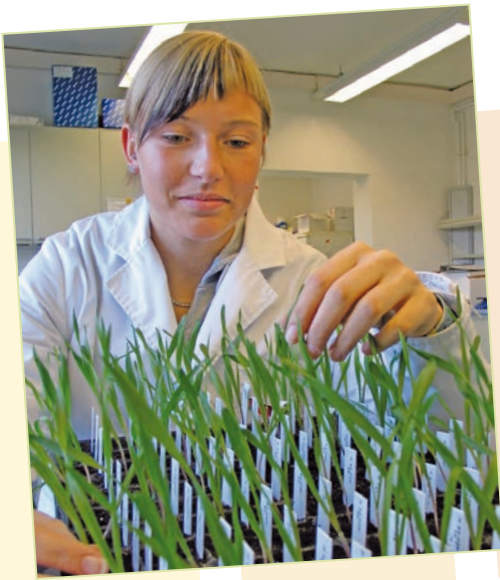
+++ JKI in detail +++ JKI in detail +++ JKI in detail +++ JKI in detail



tail +++ JKI im Detail +++ JKI im Detail +++ JKI im Detail +++ JKI im Detail +++ JKI im Detail

Institut für
Züchtungsforschung an **landwirtschaftlichen Kulturen**

*Institute for
Breeding Research on Agricultural Crops*



Das **Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen** erforscht und erschließt schwerpunktmäßig die genetische Vielfalt pflanzengenetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (PGREL). Unter PGREL werden alle Kultur- und Wildpflanzen verstanden, die einen tatsächlichen oder potenziellen Wert für unsere Ernährung oder Landwirtschaft besitzen, sei es in Form von Nahrungspflanzen für den menschlichen Verzehr (Food), als Futterpflanzen für Nutztiere (Feed) oder als Rohstoffe für Non-Food-Zwecke. Die genetische Vielfalt der Arten, Landsorten, älteren Kulturformen sowie der Populationen innerhalb verwandter Wildarten ist eine unverzichtbare Ressource, die wir heute und in Zukunft für die züchterische Anpassung unserer Nutzpflanzen an sich verändernde Anforderungen benötigen. Ein zweiter Schwerpunkt unserer Arbeit liegt auf der Entwicklung von Konzepten zur In-situ-Erhaltung und zum Management von Daten dieser Ressourcen. Des Weiteren bearbeiten wir Pflanzen, die – gegenwärtig zwar wenig genutzt – wertvolle Ökosystemleistungen erbringen können.

Züchterisch forschen wir an den Kulturarten Kartoffel, Roggen, Gerste, Triticale, Hafer, Weidelgräser, Blaue, Gelbe und Weiße Lupine. Weitere Aktivitäten sind den Betarüben von Bedeutung sind, und der hierzulande noch nicht genutzten Andenlupine (*Lupinus mutabilis*) gewidmet. Wir untersuchen den Wert und die Eignung pflanzengenetischer Ressourcen – zur Förderung der genetischen Diversität unserer Kulturpflanzen und der Artenvielfalt in landwirtschaftlichen Nutzungssystemen.

Aktuelle Aufgabenfelder und Forschungen:

Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (PGREL)

- Bewertung des landwirtschaftlichen Nutzungspotenzials
- Strategien zum Schutz genetischer Vielfalt von Pflanzenpopulationen in ihren natürlichen Lebensräumen (in situ)
- Bedeutung von Strukturen genetischer Vielfalt und ihrer Entwicklung für eine nachhaltige Sicherung und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen
- Datenbanken und Informationssysteme für genetische Vielfalt
- Gestaltung nationaler, europäischer und globaler Systeme zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Vielfalt (z. B. European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources - www.ecpgr.cgiar.org, internationale Netzwerke)

Kulturartenvielfalt

- Genetische Adaptationspotenziale züchterisch wenig bearbeiteter Kulturarten
- Domestizierungspotenzial von Wildarten

The Institute for Breeding Research on Agricultural Crops investigates the genetic diversity of plant genetic resources for food and agriculture (PGRFA) in its potential for fostering the breeding of crop plants which can meet future challenges. Another focus of research is on developing solutions for PGRFA in situ maintenance and data management. Some research is directed to underutilized crop plants.

*Crop plants currently under investigation comprise potato, rye, barley, triticale, oats, ryegrasses, narrow-leaved, yellow and white lupin. Further research activities are dedicated to Beta beets which serve as gene resources for sugar-beet breeding, as well as Andean lupin (tarwi) (*Lupinus mutabilis*). We evaluate PGRFA – i. e., land races, crop plants run out of use, wild relatives of crop-plant species – and use them to enrich the genetic diversity of current crop plants.*

Present areas of activity and fields of research:

Plant genetic resources for food and agriculture (PGREL)

- Evaluation of the agronomic use potential
- Strategies for protecting genetic diversity of plant populations in their natural habitats
- Relevance of structures of genetic diversity and their development for a sustainable use of plant genetic resources
- Databases and information systems for genetic diversity
- Shaping national, European and global systems for the maintenance and sustainable use of genetic diversity (e. g., European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources - www.ecpgr.cgiar.org; international networking)

Crop-plant diversity

- Genetic adaptation potentials of underutilized crop plants
- Domestication potentials of wild species

Evaluation methods

- Evaluation and selection methods for traits relevant to agronomic performance and quality

Biotechnology

- Potentials of cell, meristem, and organ cultures for utilizing genetic diversity
- Potentials of molecular markers and genomic approaches



Bewertungsmethoden

- Evaluierungs- und Selektionsmethoden für agronomisch und qualitativ relevante Eigenschaften

Biotechnologie

- Potenziale von Zell-, Gewebe- und Organkulturen für die Nutzung genetischer Diversität
- Potenziale von molekularen Markern und genomanalytischen Ansätzen

Genetische Vielfalt erforschen und bewerten

Die vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) initiierte „Charta für Landwirtschaft und Verbraucher“ benennt die Entwicklungen, denen sich die Landwirtschaft künftig zu stellen haben wird:

Wachsende Verbraucheransprüche an die Nahrungs- und Prozessqualität von Lebens- und Futtermitteln, erweiterte Nutzungsprofile unserer Kulturpflanzen, Klimaveränderung, zunehmende Weltbevölkerung, schrumpfende Ackerflächen und schwindende biologische Vielfalt in den Agrarlandschaften stellen die landwirtschaftliche Erzeugung vor immense Herausforderungen. Pflanzenzüchtung ist eine Schlüsseltechnologie, um diese Herausforderungen zu meistern. Genetische Vielfalt bietet hierfür die Grundlage.

Genetische Vielfalt für nachhaltigen Kartoffelanbau

Der Anbau der Kartoffel wird weltweit durch die Kraut- und Knollenfäule, verursacht durch *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, bedroht. Die Krankheit führt, trotz der Verfügbarkeit wirkungsvoller Fungizide im integrierten Anbau, zu hohen Kosten in der Kartoffelerzeugung. Im ökologischen Anbau zwingt sie zu Behandlungen mit Kupferpräparaten. Resistenzzüchtung gegen diesen Erreger ist deshalb von bleibender Aktualität. Die Strategie bei unseren Forschungen ist, die polygene oder „horizontale“ Resistenz zu nutzen, die länger wirksam bleibt als der Einsatz rassenspezifischer „vertikaler“ Resistenz. Die Auslese auf horizontale Resistenz ist nicht trivial, weil eine geringere Anfälligkeit für Krautbefall mit unerwünschter späterer Abreife korreliert.

Aktuelle Ergebnisse belegen, dass dieses Problem mit einem konventionellen Züchtungsansatz gelöst werden kann: Im dreijährigen Mittel werden JKI-Stämme mit Reifebonituren unterhalb der Note 4 (Skala: von 1: sehr früh bis 9: spät) vergleichsweise gering befallen. Einige Stämme weisen weniger als 10 % befallene Krautfläche bei mittelfrüher bis früher Abreife auf.

Analysing and evaluating genetic diversity

The Charter for Agriculture and Consumers, which was initiated by Germany's Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection (BMELV), specifies the challenges to be faced in agriculture, namely,

- growing demands of consumers in respect of product and process quality,
- broader use profiles of our crop plants,
- climate change,
- growing world population,
- shrinking arable land area and
- decreasing biological diversity in agricultural landscapes.

Plant breeding is a key technology to match these challenges, and genetic diversity serves as the basis.

Genetic diversity for a sustainable cultivation of potato

Potato growing is affected worldwide by late blight on foliage and tubers, caused by *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. Although effective fungicides are available, this disease causes tremendous additional costs in potato production. Breeding for disease resistance, thus, continues to be important.

In our breeding research we follow the strategy of using race-non-specific (or "horizontal") resistance, which is expected to remain effective for a longer time as compared to race-specific or "vertical" resistance. Selecting for horizontal resistance, though, is not trivial because lower susceptibility to foliage blight is correlated with late maturity, the latter of which is not preferable in potato growing.

Our current research demonstrates that this problem can be solved following a conventional breeding approach. On a three-year average, JKI potato pre-breeding clones showing maturity scores <4 (on a scale from 1 – very early to 9 – late), were considerably less infested by foliage blight as compared to standard varieties. Some of the mid-early to early JKI potato clones displayed less than 10 % infested leaf area on a three-year average.

For horizontal late-blight resistance as well as for resistances to viruses, bacteria, aphids and Colorado beetle we are using



Als Quellen für Resistenzen gegen *P. infestans*, Viren, Bakterien, Blattläuse und Kartoffelkäfer untersucht das Institut *Solanum*-Wildarten, die in ihrem Ursprungsgebiet („in situ“) eine Jahrtausende lange Koevolution mit dem betreffenden Schaderreger durchlaufen haben, so dass sie während dieser Zeit dauerhafte Abwehrstrategien entwickeln konnten.

Die züchterische Inwertsetzung solcher wildlebenden Verwandten erfolgt im Rahmen eines langfristig angelegten Prebreeding-Programms. Dieses liefert die Plattform, um die enge genetische Basis der Kulturkartoffel für einen nachhaltigen Anbau zu verbreitern.

Neuer Genpool für die Anpassung der Gerste an den Klimawandel

Das Auftreten des Gelbverzwergungsvirus (BYDV) ist ein Beispiel, wie Klimaveränderungen Agrarökosysteme beeinflussen können. Milde Temperaturen in den Wintermonaten lassen Blattlausarten als BYDV-Vektoren früher und länger in Wintergetreide aktiv sein und können das Virus im Bestand verbreiten. Bislang ist für die Gerste keine hinreichende BYDV-Resistenz verfügbar.

Die Wildgerste *Hordeum bulbosum* stellt den sog. sekundären Genpool der Kulturgerste. Sie wird am Institut im Hinblick auf neue wertvolle Genvarianten für die Züchtung gesunder Gerste erfolgreich erforscht. *H. bulbosum* ist widerstandsfähig gegen viele Schaderreger. Die Wildart zeichnet sich außerdem dadurch aus, dass sie gut an kalte Winter, heiße und trockene Sommer und hohen Salzgehalt im Boden angepasst ist. Der sekundäre Genpool wird als Quelle zur Anpassung der Kulturgerste an den Klimawandel weltweit bislang kaum genutzt.

In Zusammenarbeit mit weiteren JKI-Forschungsinstituten entdeckten wir in *H. bulbosum* eine vollständig wirksame Resistenz gegen BYDV. Der betreffende Resistenzfaktor, *Ryd4^{hb}*, wurde von uns durch eine Artkreuzung in die Kulturgerste eingeführt und dort auf dem Chromosom 3H genetisch kartiert.

Züchtungsforschung für wettbewerbsfähige Ökosystemleistungen durch Leguminosen

Heimische Leguminosen anzubauen und zu nutzen, könnte ein Bündel an Ökosystemleistungen erbringen, die öffentliche Güter von gesamtgesellschaftlicher Bedeutung darstellen. Als Stichpunkte seien hier die Einsparung von N-Dünger, die Reduktion der Netto-Treibhausgasemission, Bodenerosionsschutz, die För-

wild relatives of cultivated potato which have experienced co-evolution with their antagonists in their native habitats for thousands of years and developed polygenic defence-strategies during this time.

These resistance resources are investigated in the frame of a long-term pre-breeding programme which serves as a platform to broaden the narrow genetic base of potato for durable potato growing.

Novel genes for adapting barley to climate change

The incidence of the barley yellow dwarf virus (BYDV) illustrates how climate change influences agro-ecosystems. Due to mild temperatures, aphids are able to be active as virus vectors in winter cereals for a longer time during the winter season, thus causing more severe infestation of winter cereal crops. To date, there is no true BYDV resistance available in barley breeding.

The wild barley, Hordeum bulbosum, represents the so-called secondary genepool of cultivated barley. At our Institute this wild relative of barley is being investigated for novel gene variants which may be used to breed healthy barley crop plants. H. bulbosum is known for its resistance to a variety of diseases, as well as for its good adaptation to cold winters, hot and dry summers, and high salt levels in the soil. The secondary genepool has hardly been used as genetic resource in barley breeding.

In cooperation with others we detected a fully effective resistance to BYDV in H. bulbosum. The resistance factor, which we named Ryd4^{hb}, was introgressed into barley via wide crosses and assigned to barley chromosome 3H.

Breeding research for competitive ecosystem services from legumes

The domestic production of legumes may generate a variety of ecosystem services which constitute public goods with broad socioeconomic relevance. Among these are reduced consumption of N-fertilizers, reduced greenhouse-gas emission, improved soil-erosion control, positive effects on agro-biodiversity, and excellent dietary properties in human nutrition, to mention just a few.



derung der Agrobiodiversität oder die sehr günstigen Wirkungen in der Humanernährung genannt.

Lupinen zeichnen sich durch hohe Gehalte an hochwertigen Samenproteinen aus. Sie eignen sich z. T. auch für leichtere, zur Trockenheit neigende Böden. In Deutschland sind die Blaue Lupine (*Lupinus angustifolius*), die Weiße Lupine (*L. albus*) und die Gelbe Lupine (*L. luteus*) als landwirtschaftliche Fruchtarten bekannt.

Einer unserer Forschungsschwerpunkte ist, die Widerstandsfähigkeit gegen die Brennfleckenkrankheit oder Anthraknose, verursacht durch den Pilz *Colletotrichum lupini*, zu verbessern. Der Pilz kann hohe Ertragsausfälle bis zum Totalausfall verursachen. Ein wichtiger Teilerfolg bei unserer Suche nach einer wirksamen Resistenz ist die Identifizierung von Lupinen-Herkünften, die in der mehrjährigen Prüfung einen drastisch reduzierten Befall zeigen. Für diese viel versprechende Resistenz gilt es nun, molekulare Marker zur markergestützten Einkreuzung in aktuelles Zuchtmaterial zu entwickeln.

Vielfältiger Roggen als erneuerbarer Energieträger

Winterroggen eignet sich dank seiner besonders zügigen Pflanzenentwicklung im Frühjahr hervorragend zur Biomasseerzeugung z. B. vor Mais und bietet auch auf nährstoffarmen, leichteren Standorten eine hohe Ertragssicherheit.

In grundlegenden Untersuchungen wird von uns das genetisch-züchterische Potenzial pflanzengenetischer Ressourcen, die bislang in der Roggenzüchtung wenig eingesetzt worden sind, für die Entwicklung von Energiehybridsorten erforscht. Die beachtlichen Erträge an Gesamttrockenmasse (GTM) der Test-Hybriden, die wir unter Verwendung der pflanzengenetischen Ressourcen erzeugen können, setzen sich aus der Kombination ansprechender Eltern-Eigenleistungen mit einem hohen Heterosiszuwachs zusammen.

In Zusammenarbeit mit externen Kooperationspartnern plant das Institut, die für den Korn- und GTM-Ertrag wichtigen Bereiche des Roggen-genoms zu identifizieren und sie mit Hilfe molekularer Marker für eine gezielte züchterische Auslese ansprechbar zu machen. Vor allem im Hinblick auf komplex vererbte Merkmale wie GTM- und Kornertrag ermöglichen molekulare Marker eine schnellere Auslese geeigneter Elternlinien für die Entwicklung von hochleistungsfähigen Hybriden, welche die limitierte Anbaufläche effizient für die Biomasseerzeugung nutzen könnten.

*Lupin crop species have high contents of high-quality seed proteins and some of them are well suited for farming on light and dry soils. In Germany, narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius*), white lupin (*L. albus*), and yellow lupin (*L. luteus*) are known as agricultural crops.*

*One of our research foci is on the improvement of resistance to anthracnose, a disease caused by the fungus *Colletotrichum lupini*. This disease may result in high yield losses up to total loss of the crop. An important step in our research was the identification of a breeding line of narrow-leaved lupin which shows drastically reduced infestation by *C. lupini* over several years of field testing. Our next step will be to develop molecular markers which can assist the breeder in selecting disease-resistant lupin offspring.*

Genetic resources for a versatile rye crop

Among the small-grain cereals grown in Germany, winter rye displays the fastest plant development in spring and, thus, appears well suited for biomass production as winter catch crop followed by maize. Due to its high-performance root system, its pronounced cold tolerance and nutrient efficiency rye growing stands for high stability of yield on nutrient-poor and light soils even at marginal sites.

We have been testing the genetic potentials of a broad range of plant genetic resources (PGR) for their per se and hybrid performance in grain and total dry matter (TDM) yields. Entries include forage rye, population varieties, hybrid varieties, hardly utilized rye accessions, tetraploid rye, as well as current breeding lines. Conclusions may be drawn from this investigation concerning the relative excellence of certain types of rye for specific modes of utilization as well as on their heterotic behaviour with regard to biomass yield. TDM yields are considerably high for some PGR and their test hybrids and result from a combination of appreciable per se performance and high heterosis.

Work is underway in cooperation with external partners to identify those genomic regions which are relevant to high grain and TDM yield in winter rye. These genomic intervals shall be made accessible for marker-assisted selection to enable efficient identification of parental lines which give rise to high-yielding biomass hybrids for energetic purposes.



Genetische Vielfalt dokumentieren und erhalten

Die Artenvielfalt nimmt weltweit rapide ab. Der Verlust der genetischen Variation innerhalb einer Art schränkt wiederum die züchterischen Handlungsmöglichkeiten zur Anpassung unserer Kulturarten an sich ändernde Produktionsbedingungen ein. PGREL und damit verbundene Daten sind demzufolge ein hohes, unverzichtbares öffentliches Gut. Besonders im Rahmen der Agrobiodiversitätsstrategie und des Nationalen Fachprogramms ‚Pflanzengenetische Ressourcen‘ des BMELV übernimmt das Institut Forschungsaufgaben im Bereich des In-situ-Managements sowie des Daten- und Informationsmanagements zu PGREL.

Das Institut stellt durch seine Mitwirkung im Beratungs- und Koordinierungsausschuss für genetische Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen (BeKo), in der Senatsarbeitsgruppe Biodiversität und im Beirat für Biodiversität und genetische Ressourcen beim BMELV seine Expertise für die Politikberatung zur Verfügung. Durch unsere Mitarbeit in Arbeitsgruppen und Netzwerken des Europäischen Kooperationsprogramms für Pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR, Rom) gestalten wir nationale und europäische Programme zur Sicherung und nachhaltigen Nutzung von PGREL mit.

In situ, ex situ – oder: das Beste beider Welten

Mit der Unterzeichnung des Internationalen Vertrags zu PGREL („Treaty“) im Jahr 2004 verpflichtete sich die Bundesrepublik Deutschland, eine Erhaltungsstrategie zu entwickeln, die die Vorzüge des Managements von PGREL in Genbanken (*ex situ*) mit jenen des Managements in ihren Lebensräumen (*in situ* bzw. *on farm*) verbindet. Der Vorteil von *Ex-situ*-Sammlungen besteht in ihrer schnellen Verfügbarkeit für die Nutzer, während das *In-situ*-Management die Reproduktion von PGREL in der natürlichen Umgebung und damit ihre stetige evolutionäre Anpassung an die Umwelt ermöglicht. Die Vertragsparteien sollen eine Inventur von PGREL vornehmen, Daten zu ihrem Nutzwert bzw. ihrer Gefährdung sammeln und dokumentieren sowie unsere Kulturarten und ihre wildlebenden Verwandten in landwirtschaftlichen Nutzungssystemen (*on farm*) bzw. in ihren natürlichen Lebensräumen (*in situ*) fördern und schützen. In diesem Rahmen entwickelt und betreibt das Institut die zentralen fruchtartspezifischen Datenbanken für Hafer (European *Avena* Database, EADB; <http://eadb.jki.bund.de>) sowie für Beta (International Database for Beta, IDBB; <http://idbb.jki.bund.de>), die Informationen zum züchterischen Wert von Arten und Akzessionen zur Verfügung stellen. Das Informationsangebot zu PGREL wird durch die Ergebnisse

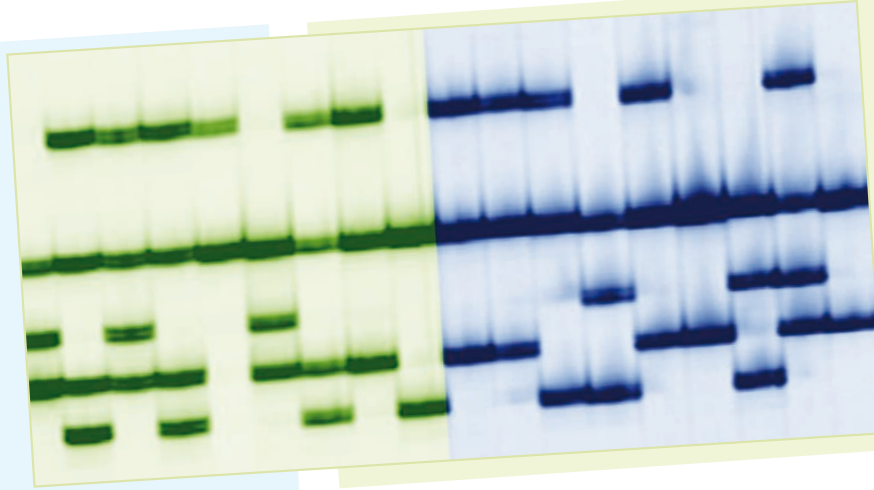
Documenting and conserving genetic diversity

The diversity of plant species is declining rapidly worldwide. The loss of genetic variation within species limits the options plant breeding will have for adapting our crop plants to future requirements. Plant genetic resources for food and agriculture (PGRFA) and data associated with them are, thus, an indispensable public good. The Institute takes responsibility for the domain of in situ management of PGRFA as well as data and information management.

We are involved in the Advisory and Coordination Committee for Genetic Resources of Agricultural and Horticultural Crops (BeKo), the Senate Working Group on Biodiversity and the Scientific Advisory Board for Biodiversity and Genetic Resources at the BMELV and provide scientific policy advice. We are active in working groups and networks of the European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR, Rome) and take part in shaping national and European programmes for the conservation and sustainable use of PGRFA.

In situ, ex situ – take the best of both worlds

*In 2004 the Federal Republic of Germany signed the International Treaty for PGRFA („Treaty“) and thereby took responsibility for the development of a conservation strategy combining the advantages of managing PGRFA in gene banks (*ex situ*) with those of management of PGRFA in their natural habitats (*in situ, on-farm*). From the user's point of view the ready access to *ex situ* collections is an advantage. On the other hand, *in situ* conservation of PGRFA allows for their continued evolutionary adaptation to changing environmental conditions which is a biological advantage. The contracting parties to the Treaty are encouraged to create inventories of PGRFA, to collect and document data describing their use value and threat. Furthermore, parties are expected to promote and protect crops and crop wild relatives within agricultural ecosystems (*on farm*) and in their natural habitats, respectively. In this context, the Institute develops and operates the European *Avena* Database (EADB, <http://eadb.jki.bund.de>) as well as the International Database for Beta (IDBB; <http://idbb.jki.bund.de>), which provide information on the value of species and accessions for plant breeding.*



der vom Institut koordinierten EU-Vorhaben AEGRO (<http://aegro.jki.bund.de/>) und AVEQ (<http://aveq.jki.bund.de/>) erweitert.

In AEGRO wurden für bestimmte Wildarten innerhalb ihres Verbreitungsgebietes jene Populationen ermittelt, die in ihrer Summe einen wichtigen Teil der innerartlichen Vielfalt repräsentieren. In Kooperation mit der Universität Madeira analysierten wir z. B. mit Hilfe von molekularen Markern die räumliche Verteilung genetischer Diversität in der gefährdeten Wildrübenart *Beta patula*. Dies führte dazu, dass Teilareale identifiziert wurden, die zur Erhaltung der innerartlichen Vielfalt von *B. patula* notwendig sind. Die erforderlichen naturschutzrechtlichen Maßnahmen leitete der portugiesische Partner ein. So wird voraussichtlich in Kürze das erste genetische Schutzgebiet für *B. patula* innerhalb der Europäischen Union entstehen. *B. patula* ist eine potenzielle genetische Ressource für die Resistenzzüchtung gegen das Vergilbungsvirus (BMYV) bei der Zuckerrübe. Das Institut entwickelt und betreibt PLIS, das „Population Level Information System“ (<http://aegro.jki.bund.de/index.php?id=168>), welches u. a. für *Avena* und *Beta* alle weltweit zugänglichen Datenquellen zu Ex-situ-Akzessionen und In-situ-Vorkommen zentral zusammengeführt.

In AVEQ wurden für ca. 600 Hafer-Akzessionen Qualitätsmerkmale, die für die menschliche Ernährung relevant sind, evaluiert und für die EADB-Datenbank erschlossen.

Das Institut schafft damit auf bioinformatischer Ebene Voraussetzungen für die Entwicklung einer ganzheitlichen Erhaltungsstrategie, die die Vorzüge des Ex-situ- wie auch des In-situ-Managements nutzt.

Ausblick

Die Erforschung von PGRFA erfordert eine planvoll angelegte Vorgehensweise, die klassische und moderne Züchtungsmethoden kombiniert und einer langfristig angelegten, weit vorausschauenden Perspektive bedarf. Die Sichtung der in PGRFA vorhandenen genetischen Vielfalt, ihre züchterische Inwertsetzung und ihre Bewahrung ist eine in ihrer gesellschaftlichen Bedeutung kaum zu unterschätzende Vorsorge-Aufgabe der Züchtungsforschung. Dieser Aufgabe fühlen wir uns verpflichtet.

Information on PGRFA is supplemented by the EU projects AEGRO (<http://aegro.jki.bund.de/>) and AVEQ (<http://aveq.jki.bund.de/>) coordinated by the institute.

In AEGRO, sets of populations were determined which jointly represent a significant fraction of the genetic diversity of a given species. In cooperation with the University of Madeira we analyzed, for instance, the spatial distribution of genetic diversity of the wild beet *Beta patula* using molecular genetic markers. This study allowed us to identify those subareas which are required for maintaining the infraspecific diversity. As a result, a genetic reserve for *B. patula* will be created, which likely is the first one of its kind in the European Union. The required legal actions have been initiated by the Portuguese partner. *B. patula* is an endangered species which is known as a potential genetic resource for breeding sugarbeets with resistance to the *Beet Mild Yellow Virus* (BMYV). The Institute develops and operates PLIS, the Population Level Information System (<http://aegro.jki.bund.de/index.php?id=168>), which provides access to a data set on ex situ accessions and in situ occurrences of *Avena*, *Beta*, *Brassica*, and *Prunus*. PLIS supports the identification of genetic reserves, e. g., for *Beta*.

In AVEQ, quality traits relevant to human nutrition have been evaluated in a collection of almost 600 oat accessions and the data integrated into the EADB.

The Institute hereby provides a bioinformatic basis for developing a comprehensive conservation strategy, which combines the advantages of the ex situ and in situ management techniques.

Perspectives

Investigating PGRFA requires methodical research activities which combine classical and biotechnological approaches and follow a long-term and foresighted perspective. The examination of genetic diversity provided by PGRFA, its utilization and maintenance is a service from breeding research which can hardly be overestimated in its socioeconomic relevance. Providing this service is a task we are committed to.

