

Bearbeitet von / Compiled by:

Frank Marthe, Daniel von Maydell

Schlussbericht zum Vorhaben

Verbundprojekt: Verbesserung von einjährigem Kümmel (*Carum carvi*) als Rohstoff für bioaktive Produkte (BIOKUE)

*Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen*



Berichte aus dem Julius Kühn-Institut

222

Kontaktadresse/ Contact

Prof. Dr. Frank Marthe
Julius Kühn-Institut (JKI)
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen
Erwin-Baur-Str. 27
06484 Quedlinburg
Germany

E-Mail: frank.marthe@julius-kuehn.de

Telefon: +49 (0) 39 46 47- 30 00

Telefax: +49 (0) 39 46 47- 30 02

Wir unterstützen den offenen Zugang zu wissenschaftlichem Wissen.
Die Berichte aus dem Julius Kühn-Institut erscheinen daher als OPEN ACCESS-Zeitschrift.

We advocate open access to scientific knowledge.
Reports from the Julius Kühn Institute are therefore published as open access journal.

Berichte aus dem Julius Kühn-Institut sind online verfügbar unter <https://ojs.openagrar.de/index.php/BerichteJKI>
Reports from the Julius Kühn Institute are available free of charge under
<https://ojs.openagrar.de/index.php/BerichteJKI>

Herausgeber / Editor

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Quedlinburg, Deutschland
Julius Kühn Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Quedlinburg, Germany

ISSN 1866-590X

ISBN 978-3-95547-116-3

DOI 10.5073/20220719-110329



© Der Autor/ Die Autoren 2022.

Dieses Werk wird unter den Bedingungen der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz (CC BY 4.0) zur Verfügung gestellt (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de>).



© The Author(s) 2022.

This work is distributed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.en>)

Schlussbericht

zum Vorhaben

Thema:

Verbundprojekt: Verbesserung von einjährigem Kümmel (*Carum carvi*) als Rohstoff für bioaktive Produkte (BIOKUE)

Teilvorhaben 1: Erhöhung des Ertrages und des Ätherischölgehaltes von einjährigem Kümmel durch Erzeugung und Bewertung homozygoter Linien und F₁-Populationen

Teilvorhaben 2: Anbauoptimierung und Prüfung von Zuchtmaterial des einjährigen Kümmels für Ätherischölertrag und Destillationseignung

Zuwendungsempfänger:

Julius Kühn-Institut, Quedlinburg

Förderkennzeichen:

Teilvorhaben 1: 22023215

Teilvorhaben 2: 22006416

Laufzeit:

15.06.2017 bis 31.03.2021

Monat der Erstellung:

06/2021

Gefördert durch:



**Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft**

**aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages**

Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) über die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) als Projektträger des BMEL für das Förderprogramm Nachwachsende Rohstoffe unterstützt. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.

Inhaltsverzeichnis Schlussbericht

I	Ziele	5
1.	Aufgabenstellung	5
2.	Stand der Technik.....	7
3.	Zusammenarbeit mit anderen Stellen.....	9
4.	Literaturverzeichnis.....	10
II	Ergebnisse.....	12
1.	Erzielte Ergebnisse	12
1.1.	Selektion für den sommerannuellen Anbau und Evaluierung der Züchtungsmethodik	18
1.1.1.	Erhöhung des Homozygotiegrades durch weitere Inzuchtierung (AP 3).....	18
1.1.2.	Polycross: Bestimmung der Auskreuzungsrate und Erzeugung von F ₁ -Populationen (AP 7 & AP 8).....	24
1.1.3.	Leistungsprüfung 2019 und 2020: Versuchsaufbau, Deskriptive Statistik, Heritabilität, Korrelationen, Eigenleistung, Inzuchtdepression, Heterosis, Allgemeine Kombinationseignung (AP 1.1, AP 3, AP 8-10)	26
1.1.4.	Leistungsprüfung 2020 für alle 44 Inzuchtlinien (AP 1.1, AP 3).....	38
1.1.5.	Evaluierung des Konzeptes 'Synthetische Sorte' für die Kümmelzüchtung (AP 9-10).....	43
1.2.	Selektion für den winterannuellen Anbau	44
1.2.1.	Leistungsprüfung 2018/2019 (AP 1.2).....	44
1.2.2.	Winterhärte test 2019/2020 (AP 1.2)	47
1.2.3.	Neu-Kombinationen (AP 11).....	49
1.3.	Analyse der genetischen und phänotypischen Diversität von ein- und zweijährigem Material ...	49
1.3.1.	Genetische Diversität und Populationsstrukturen.....	49
1.3.2.	Phänotypische Diversität	55
1.3.3.	Empfehlungen zur Nutzung der Diversität, Kreuzungen (AP 11).....	58
1.4.	Optimierung der Bestimmung des Ätherischölgehalts mittels Nahinfrarotspektroskopie.....	59
2.	Verwertung.....	61
3.	Erkenntnisse von Dritten.....	62
4.	Veröffentlichungen	63

Schlussbericht

I Ziele

Zentrales Projektziel war die Selektion von einjährigem Kümmel mit erhöhtem Ertrag und Ätherischölgehalt. Auf Basis des selektierten Zuchtmaterials soll der Anbau in Deutschland gesichert und langfristig ausgedehnt werden. Um diese Ziele zu erreichen sollte die Züchtung synthetischer Sorten als Züchtungsmethode für Kümmel etabliert und wissenschaftlich evaluiert werden. Im wissenschaftlichen Fokus standen daher Untersuchungen zur Inzuchtdepression, Heterosis und Auskreuzungsrate bei Kümmel. Als zusätzliche Option zum sommerannuellen Anbau sollte der winterannuelle Anbau (Herbstaussaat) evaluiert und Zuchtmaterial für diesen Anbau selektiert werden. Beim winterannuellen Anbau soll zum einen durch Verlängerung der Vegetationszeit das Ertragspotential erhöht werden. Zum anderen sollen durch Nutzung der Niederschläge im Herbst und Frühjahr und eine frühere Reife die prognostizierten Auswirkungen des Klimawandels wie häufige Frühsommertrockenheit vermieden oder abgemildert werden. Des Weiteren sollte ein größeres Set von Kümmelakzessionen (Einjährige, Zweijährige, Wildtypen) genotypisiert werden, um genetische Diversität und verwandtschaftliche Beziehungen aufzudecken. Diese Informationen könnten für zukünftige Züchtungsprogramme, aber auch für zeitnahe Selektionsentscheidungen hilfreich sein. Zudem sollte ein Vorhersagemodell zur Bestimmung des Ätherischölgehalts mittels Nahinfrarotspektroskopie (NIRS) optimiert werden. Dadurch könnte die Bestimmung des Ätherischölgehalts deutlich beschleunigt und kostengünstiger werden.

1. Aufgabenstellung

Allgemeines Ziel war die Produktion von Kümmelfrüchten insbesondere für die pharmazeutische Nutzung und als Ausgangsstoff für Pflanzenschutzmittel sicherer und ökonomischer zu machen. Langfristig sollte so auch der Umfang des deutschen Anbaus ausgedehnt werden. Dafür sollte einjähriges Zuchtmaterial mit gesteigertem Kornertrag (möglichst > 1.5 t/ha) und hohem Ätherischölgehalt (möglichst > 5 ml/100g) entwickelt werden. Die effiziente Produktion von Kümmelfrüchten und ätherischem Öl sollte der weiterverarbeitenden pharmazeutischen Industrie und Pflanzenschutzmittelherstellern die gewünschte sichere Rohstoffbasis und die Möglichkeit zur Entwicklung weiterer hierauf basierender innovativer Produkte bieten. Einhergehend mit einer Sicherung und Ausdehnung der Anbauflächen sollte auch ein Beitrag zur Erweiterung der genutzten Agrobiodiversität geleistet werden. Hieraus könnte eine Aufweitung der Fruchtfolge mit positiven phytosanitären Wirkungen erfolgen. Zusätzlich könnte Kümmel vor allem während der Blüte als Nahrungsquelle für wilde Insekten dienen.

Parallel zur Bearbeitung der Zuchtziele sollten wesentliche wissenschaftliche Fragestellungen im Bereich der Züchtungsmethodik, der Analytik und Molekulargenetik bearbeitet werden: So sollte die Züchtung synthetischer Sorten als Züchtungsmethode für Kümmel evaluiert werden. Durch die gezielte Nutzung des Heterosis-Effektes sollten mit dieser Methode die anvisierten Ertragssteigerungen erreicht werden. Zur Auswahl von geeignetem Zuchtmaterial zur Durchführung dieser Methode sollten vorliegende Inzuchtlinien letztmalig inzuchtartig, untersucht und selektiert werden. Weiteres Zuchtmaterial sollte durch Kreuzungen von wertvollen Linien entwickelt werden. Als zusätzlicher Ansatz zur Ertragssteigerung sollte der winterannuelle Anbau (d. h. eine Herbstaussaat) evaluiert werden. Des Weiteren wurde eine Optimierung der Vorhersage des Ätherischölgehalts mittels Nahinfrarotspektroskopie (NIRS) angestrebt. Damit sollte eine kostengünstige und hochdurchsatzfähige Methode zur Ermittlung des Ätherischölgehalts etabliert werden. Zur Evaluierung der Züchtungsmethodik sollte auch die Auskreuzungsrate von einjährigem Kümmel bestimmt werden. Hierfür war die Entwicklung molekulargenetischer Marker notwendig. Die Marker sollten auch zur Bestimmung der phylogenetischen Distanz zwischen verschiedenen zweijährigen und einjährigen Akzessionen dienen. Derartige Untersuchungen können eine wichtige Datengrundlage für die Auswahl von genetischen Material für künftige Züchtungsprogramme darstellen.

Projektbeginn des Teilvorhabens war der 15.06.2017. Eine intensive wissenschaftliche Bearbeitung konnte jedoch erst mit der Einstellung des Wissenschaftlers zum 01.10.2017 beginnen. Dadurch konnte das Anbaujahr 2017 nur sehr eingeschränkt für Feldversuche genutzt werden. Durch Verlängerung der Projektphase bis zum 31.03.2021 konnten die im Projekt vorgesehenen Aufgaben letztendlich aber vollständig durchgeführt werden. Kurz umrissen ergab sich folgender zeitlicher Ablauf der Versuche: Im Jahr 2017 (im

kleinen Umfang) und im Jahr 2018 (im größerem Umfang) erfolgte die Untersuchung, weitere Inzuchtierung und Selektion von JKI-Inzuchtlinien. Im Folgejahr (2018 bzw. 2019) erfolgte eine Zwischenvermehrung der selektierten Linien, um genügend Saatgut für einen Leistungstest zu gewinnen. 2018 wurde ein Polycross zur Erzeugung von F₁-Populationen durchgeführt, als ersten Schritt zur Evaluierung der Züchtung synthetischer Sorten. Leistungstests zur Untersuchung der selektierten Inzuchtlinien und der F₁-Populationen wurden in den Jahren 2019 und 2020 durchgeführt. Eine Genotypisierung und Phänotypisierung von zwei- und einjährigen Akzessionen erfolgte von 2018 bis 2020. Die Optimierung der Vorhersage mittels NIRS ging mit der analytischen Auswertung der Versuche einher. Die Evaluierung des winterannuellen Anbaus ergab früh, dass hier neues Zuchtmaterial zu entwickeln ist. Von 2019 bis 2020 wurden Kreuzungen zwischen winterhartem und ätherischölreichem Material durchgeführt und mehrere F₂-Populationen wurden erzeugt, die Ende 2020 in die Testung gehen konnten.

2. Stand der Technik

Im Folgenden geben wir eine Übersicht zum wissenschaftlichen und technischen Stand vor Projektbeginn im Bereich Anbau, Verwendungsmöglichkeiten und regulatorische Bestimmungen, Inhaltsstoffe und Analytik, Sortenspektrum, Züchtungsmethodik und Molekulargenetik. In diesem Abschnitt verwendete Fachliteratur wird im Literaturverzeichnis aufgeführt. Referenzen zu Methoden, die zur Durchführung und Auswertung der Versuche im Projekt genutzt wurden, werden im Ergebnisteil zitiert und ebenfalls im Literaturverzeichnis aufgeführt.

Gegenwärtig liegt der jährliche Kümmelbedarf in Deutschland für die Nutzung im Lebensmittel- und Arzneibereich bei schätzungsweise 3.500 t. Bei einem üblichen Ertrag des einjährigen Kümmels von ca. 1 t/ha in Deutschland würde dies eine Anbaufläche von ca. 3.500 ha erfordern. Dem steht in Deutschland eine Anbaufläche von 283 ha (FNR 2014) gegenüber, die bis dato nicht wesentlich erhöht werden konnte. Kümmel gehört zu den heimischen Arznei- und Gewürzpflanzen mit dem größten Anbaupotential, das bislang aufgrund zu hoher Kosten im Vergleich mit dem Weltmarkt nur in geringem Umfang ausgeschöpft wird. Die im Projekt angestrebte züchterische Verbesserung des einjährigen Kümmels soll erheblich zur Kostenreduktion beitragen.

Das Europäische Arzneibuch fordert für Kümmelfrüchte (*Carvi fructus*) einen Gehalt von mindestens 3 ml/100 g ätherisches Öl der ganzen getrockneten Teilfrüchte (Ph. Eur. 2020). Im Unterschied zur pharmazeutischen Nutzung müssen Kümmelfrüchte für den Einsatz im Lebensmittelbereich lediglich 1,5 - 2,5 % ätherisches Öl enthalten (ISO 5561). Das ätherische Öl des Kümmels besteht überwiegend aus Carvon (50 bis 65 %) und Limonen (35 bis 45 %) (Bailer et al. 2001).

Carvon ist biologisch hochwirksam. Eine fungizide Wirkung wurde für die an Kartoffel (*Solanum tuberosum* L.) auftretenden Phytopathogene *Fusarium sulphureum*, *Phoma exigua* var. *foveata* und *Helminthosporium solani* bestätigt (Cizkova et al. 2000; Pank 2012). Gemeinsam mit den antibiotischen Eigenschaften ist die Hemmung des Stolonenaustriebes aus gelagerten Knollen der Kartoffel von besonderer Bedeutung. Im Gegensatz zu synthetisch hergestellten Mitteln zum sog. Keimstopp der Kartoffel ist dieser Effekt bei der Verwendung von Carvon reversibel. Hieraus resultiert die Nutzbarkeit von Carvon in der Pflanzkartoffellagerung. Neben diesem bedeutenden Einsatzgebiet ist auch die Nutzung in der Speisekartoffellagerung unter dem Gesichtspunkt der verbraucherseitigen Ablehnung des Einsatzes synthetischer Keimstoppmittel gegeben. Die Fa. Luxan, Niederlande, hat auf der Basis der genannten Wirkung von Carvon den Einsatz im Kartoffellager patentiert (DE69813337 T2, Veröffentlichungsdat. 4. März 2004, auch veröffentlicht unter CA2225061A1, Erfinder Vries Robert Georg De, Antragsteller Luxan B.V.). Zur Keimhemmung bei Kartoffeln wurde das Pflanzenschutzmittel Talent mit dem Wirkstoff Carvon entwickelt und zugelassen (Zul.-Nr. 007520-00 ADAMA Deutschland GmbH, Edmund-Rumpler-Str. 6, 51149 Köln, früher Mahkteshim-Agan). Es wurde 2010 von der Fa. ADAMA gekauft. Die Agri Services International B.V. hatte eine Zulassung für Talent von 28.8.2014 bis 1.6.2018, Anwendungsnummer: 007520-00/00-001. Inzwischen ist diese Zulassung erloschen. Eine Zulassung besteht weiterhin in Dänemark und den Niederlanden. Talent hatte in Österreich und den Niederlanden einen signifikanten Marktanteil erreicht, in Deutschland hingegen wird nahezu ausschließlich mit der Kühllagerung für Pflanzkartoffeln gearbeitet. Ursache für die nicht stattgefundene Marktdurchdringung von Talent in Deutschland sind deutlich höhere Kosten und die Notwendigkeit der Mehrfachbehandlung im Vergleich mit chlorophambasierten Mitteln. Die Reduktion der Produktionskosten für Carvon könnte dies ändern.

International wird Kümmel überwiegend als zweijährige Kultur mit Aussaat im Frühjahr des ersten Anbaujahres und Ernte im Sommer des darauffolgenden Jahres produziert. Seit Ende der 1980er Jahre sind „verschiedene einjährige Kümmelsorten gezüchtet worden: 'SKZ-1' (Ungarn 1987), 'Karzo' (Niederlande 1994), 'Springcar' (Niederlande 1998) und 'Sprinter' (Deutschland, Fa. N.L. Chrestensen, Erfurt 1999), der sich im Anbau bereits bewährt hat“ (Bundessortenamt 2002). Nemeth nennt weiterhin 'CN-1' sowie 'Bi-An' (Israel) und 'Balady' (Ägypten) (Németh 1998). Mit der Einführung der einjährigen Kümmelsorte 'Sprinter' (1999, N.L. Chrestensen Samen- und Pflanzenzucht Erfurt GmbH) und der dazugehörigen Veränderung der Anbautechnologie ist ein erster Durchbruch in Richtung eines wirtschaftlichen Kümmelanbaues in Deutschland gelungen. Im Unterschied zu anderen einjährigen Kümmelsorten gelang es erstmals, einen Ölgehalt von ca. 3,5 bis 4,0 % zu erreichen. Allerdings befriedigt auch die Sorte 'Sprinter' im Hinblick auf die Gesamtertragsleistung aus Ertrag und Ätherischölgehalt nicht. In Tschechien wurde 2014 die erste winterannuelle Sorte 'Aprim' registriert (Agritec Ltd., Sumpperk). Beim winterannualen Anbau wird bereits im Spätsommer oder Herbst ausgesät. Die Pflanzen blühen dann im April und Mai und die Ernte kann bereits im August erfolgen. Im Vergleich zum

sommerannuellen Anbau wird somit die vermutlich immer häufiger auftretende Frühsommertrockenheit während der Blüte vermieden. Das Blühstadium ist von besonderer Bedeutung für die Ertragsbildung. Im Vergleich zum zweijährigen Anbau kann die Anbautechnologie weiter im einjährigen Rhythmus erfolgen. Wichtigste Voraussetzung für den winterannuellen Anbau einer Sorte ist eine gute Winterhärte. Zum Projektbeginn war die Eignung und die Eigenschaften von 'Aprim' für den Anbau in Deutschland unbekannt. Zudem war unbekannt, ob sich vorliegendes einjähriges Zuchtmaterial für den winterannuellen Anbau eignen könnte. Zweijähriges Material eignet sich nicht für eine späte Aussaat, da die notwendige Pflanzengröße für eine erfolgreiche Vernalisation dann nicht erreicht wird (Pank 2012). Somit bliebe die Blüte im Folgejahr weitgehend aus.

Die zu bevorzugende Züchtungsmethode für Kümmel ist laut Toxopeus (1998) die Populationszüchtung, um Heterosis zu nutzen und Inzuchtdepression zu vermeiden. Starke Inzuchtdepression nach Selbstungen wird für Kümmel angenommen, weil Kümmel vermutlich ein vorwiegender Fremdbefruchter sei (Németh et al. 1999), bei denen üblicherweise starke Inzuchtdepression zu finden ist. Eindeutige Nachweise für starke Inzuchtdepression und Heterosis sowie für eine hohe Auskreuzungsrate bei Kümmel wurden bisher allerdings nicht erbracht. Die obigen Annahmen sind aber auf Basis des Bestäubungssystems von Kümmel gut begründet: Die Protandrie bei Kümmel (Pank 2012) verhindert weitgehend Bestäubung innerhalb derselben Dolde. Somit zeigt Kümmel ein System zur Vermeidung von Selbstbestäubung. Generell sind Selbstungen bei Kümmel jedoch möglich. So kann Bestäubung zwischen Dolden derselben Pflanze in unterschiedlichen Stadien stattfinden. Selbstinkompatibilitätsmechanismen konnten bisher nicht festgestellt werden. Folglich kann Linienzüchtung mit dem Vorteil höherer Heritabilität im Rahmen eines Zuchtprogramms eingesetzt werden, final ist aber eine Methode zu bevorzugen, die Heterosis nutzt und Inzuchtdepression vermeidet. Die Hybridzüchtung als einschlägige Methode zur Nutzung von Heterosis ist derzeit nicht möglich, weil für Kümmel kein System zur Bestäubungslenkung (wie cytoplasmatische männliche Sterilität, CMS) vorhanden ist. Als spezielle Methode der Populationszüchtung schlug Pank (2012) daher die Züchtung synthetischer Sorten für Kümmel vor. Die Methode wird in Becker (1988) und Becker (2011) ausgeführt. Am Beginn steht die Linienentwicklung durch eine Methode der Linienzüchtung. Für Kümmel wurde zuletzt die Stammbaummethode verwendet. Nach der Linienentwicklung werden Linien hinsichtlich ihrer Kombinationseignung (GCA) bewertet. Dafür werden die Linien in einem Polycross ausgekreuzt und die erhaltenen F₁-Populationen in einem Ertragstest unterzogen. Auf Basis der GCA-Werte werden die besten Linien miteinander ausgekreuzt. Es entsteht die sogenannte Syn₁-Population, die bereits als synthetische Sorte angeboten werden kann. Häufiger werden aber Folgegenerationen (Syn_{2+x}) genutzt, weil so mehr Saatgut erzeugt werden kann, ohne eine vorherige massive Vermehrung der Linien durchführen zu müssen. Eine synthetische Sorte kann regelmäßig aus den Komponenten neu erzeugt werden.

Molekulargenetische Methoden wurden für Kümmel bisher nur geringfügig adaptiert. Drei Arbeiten analysierten jeweils eine geringe Zahl von Akzessionen mit sogenannten RAPD-Markern (Bocianowski and Seidler-Lozykowska 2012; Laribi et al. 2011; Seidler-Lozykowska et al. 2014). RAPD-Marker werden zwar für kleinere Kulturarten gelegentlich noch genutzt, haben aber eine schlechte Reproduzierbarkeit und können kaum in Züchtungsprogrammen genutzt werden. Heutzutage liegen kostengünstige Alternativen mit einem wesentlich höheren Verwertungspotential vor. Insbesondere im Bereich der 'next generation sequencing' (NGS)-Methoden wurden deutliche Fortschritte erzielt, die solche Methoden auch für Nebenkulturen nutzbar machen. Als eine NGS-Methode wurde 'genotyping by sequencing' (GBS, Elshire et al. 2011) erfolgreich bei einigen gartenbaulichen Kulturen eingesetzt (Otto et al. 2017; Shi et al. 2017; Stansell et al. 2018; Yousef et al. 2018). Diese Methode ermöglicht es, eine Vielzahl von 'single nucleotide polymorphisms' (SNPs) zu detektieren, die unter anderem zur Ermittlung der phylogenetischen Distanz eingesetzt werden können. Bei Überführung in ein Nachweissystem können SNPs auch zur Bestimmung der Auskreuzungsrate eingesetzt werden.

3. Zusammenarbeit mit anderen Stellen

Die Planung und Durchführung der Versuche dieses Teilvorhabens erfolgte weitgehend im Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen (ZG) des Julius Kühn-Instituts (JKI). Eine enge Zusammenarbeit gab es hierbei mit der Dr. Junghanns GmbH (Aschersleben), die auch ein eigenes Teilvorhaben durchgeführt hat. Weitere Projektpartner aus dem Praxisanbau waren die BBG Kilian-Horsch GbR (Aschersleben OT Mehringen), die Horrmann GbR (Bördeland OT Welsleben) und der Landwirtschaftsbetrieb Hans-Eckhard Kittler (Aschersleben). Das Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz (ÖPV) des JKI (Berlin) war als weiterer Projektpartner an der inhaltsstofflichen Analytik der Versuche beteiligt. Die Chemometrix GmbH (Wölfersheim) wurde zur Optimierung der Vorhersage mittels NIRS hinzugezogen. Im Bereich der Molekulargenetik erfolgte eine Zusammenarbeit mit dem Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz (RS) des JKI, dem Institut für die Sicherheit biotechnologischer Verfahren bei Pflanzen (SB) des JKI (beide Quedlinburg) und der Elshire Group Limited (Neuseeland). Zur Betreuung der im Projekt anvisierten Doktorarbeit bestand ein wissenschaftlicher Austausch mit der Professur für Pflanzenzüchtung, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.

Zur Zusammenstellung eines diversen Sets von Kümmel-Akzessionen wurde Material von mehreren Genbanken/Instituten oder Firmen angefordert: Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK, Gatersleben); United States Department of Agriculture (USDA, Ames, USA); Crop Research Institute (CRI, Prague, Tschechien); Centre for Genetic Resources, the Netherlands (CGN, Wageningen, Niederlande); Nordic Genetic Resource Center (NordGen, Alnarp, Schweden); Julius Kuehn-Institute (JKI, Quedlinburg); Dr. Junghanns GmbH (Ascherleben); Agritec Ltd. (Šumperk, Tschechien); National Research Council Canada (NRC, Ottawa, Kanada); Chrestensen GmbH (Erfurt); Pharmasaat GmbH (Artern).

4. Literaturverzeichnis

- Acimovic M, Filipovic V, Stankovic J, Cvetkovic M, Đukanović L (2015) The influence of environmental conditions on *Carum carvi* L. var. *annuum* seed quality. *Field and Vegetable Crops Research* 52:91-96 <https://doi.org/10.5937/ratpov52-8022>
- Bailer J, Aichinger T, Hackl G, de Hueber K, Dachler M (2001) Essential oil content and composition in commercially available dill cultivars in comparison to caraway. *Industrial Crops and Products* 14:229-239 [https://doi.org/10.1016/s0926-6690\(01\)00088-7](https://doi.org/10.1016/s0926-6690(01)00088-7)
- Bates DM, Mächler M, Bolker BM, Walker SC (2015) Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>
- Becker HC (1988) Breeding synthetic varieties of crop plants. *Plant Genetics and Breeding Review*:31-54
- Becker HC (2011) *Pflanzenzüchtung*. 2 edn. Ulmer UTB,
- Bocianowski J, Seidler-Lozykowska K (2012) The relationship between RAPD markers and quantitative traits of caraway (*Carum carvi* L.). *Ind Crops Prod* 36:135-139 <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2011.08.019>
- Bouwmeester HJ, Davies JAR, Smid HG, Welten RSA (1995) PHYSIOLOGICAL LIMITATIONS TO CARVONE YIELD IN CARAWAY (*CARUM-CARVI* L.). *Ind Crops Prod* 4:39-51 [https://doi.org/10.1016/0926-6690\(95\)00009-2](https://doi.org/10.1016/0926-6690(95)00009-2)
- Bundessortenamt (2002) *Beschreibende Sortenliste Arznei- und Gewürzpflanzen*. Deutscher Landwirtschaftsverlag, Hannover
- Cizkova H, Vacek J, Voldrich M, Sevcik R, Kratka J (2000) Caraway essential oil as potential inhibitor of potato sprouting. *Rostlinna Vyroba* 46:501-507
- Das AB (1991) GENOME ANALYSIS AND VARIATION OF 4C DNA CONTENT IN THE SUBTRIBE CARINAE. *Cytologia (Tokyo)* 56:627-632
- Elshire RJ, Glaubitz JC, Sun Q, Poland JA, Kawamoto K, Buckler ES, Mitchell SE (2011) A Robust, Simple Genotyping-by-Sequencing (GBS) Approach for High Diversity Species. *Plos One* 6:10 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019379>
- FNR (2014) 2011, Marktanalyse Nachwachsende Rohstoffe vol 34. Schriftenreihe Nachwachsende Rohstoffe, Greilhuber J (2005) Intraspecific variation in genome size in angiosperms: identifying its existence. *Ann Bot* 95:91-98 <https://doi.org/10.1093/aob/mci004>
- Harrell FE (2020) Hmisc: Harrell Miscellaneous. R package version 4.3-1.
- Jatayev S et al. (2017) Advantages of Amplifluor-like SNP markers over KASP in plant genotyping. *BMC Plant Biol* 17:11 <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1197-x>
- Kaepler S (2012) Heterosis: Many Genes, Many Mechanisms—End the Search for an Undiscovered Unifying Theory. *ISRN Botany* 2012:682824 <https://doi.org/10.5402/2012/682824>
- Laribi B, Bettaieb I, Kouki K, Sahli A, Mougou A, Marzouk B (2009) Water deficit effects on caraway (*Carum carvi* L.) growth, essential oil and fatty acid composition. *Ind Crops Prod* 30:372-379 <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2009.07.005>
- Laribi B, Zoghalmi N, Lamine M, Kouki K, Ghorbel A, Mougou A (2011) RAPD-based assessment of genetic diversity among annual caraway (*Carum carvi*) populations. *Eurasian J Biosci* 5:37-47
- Mackay IJ, Cockram J, Howell P, Powell W (2021) Understanding the classics: the unifying concepts of transgressive segregation, inbreeding depression and heterosis and their central relevance for crop breeding. *Plant Biotechnol J* 19:26-34 <https://doi.org/10.1111/pbi.13481>
- Németh É (1998) Introduction. In: Németh E (ed) *Caraway The Genus Carum*, vol 7. *Medicinal and Aromatic Plants - Industrial Profiles*. harwood academic publishers, Amsterdam, pp 1-8
- Németh É, Bernáth J, Petheô F (1999) STUDY ON FLOWERING DYNAMIC AND FERTILIZATION PROPERTIES OF CARAWAY AND FENNEL. *Acta Hort* 502:77-84 <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.1999.502.9>
- Olesen K (1976) A completely balanced polycross design. *Euphytica* 25:485-488 <https://doi.org/10.1007/BF00041582>
- Otto LG et al. (2017) Use of genotyping-by-sequencing to determine the genetic structure in the medicinal plant chamomile, and to identify flowering time and alpha-bisabolol associated SNP-loci by genome-wide association mapping. *BMC Genomics* 18:18 <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3991-0>
- Pank F (2012) Kümmel (*Carum carvi* L.). In: Hoppe B (ed) *Handbuch des Arznei- und Gewürzpflanzenbaus*, vol 4. Verein für Arznei- und Gewürzpflanzen SALUPLANTA e.V., Bernburg, pp 728-762
- Pank F, Kruger H, Quilitzsch R (2007) Results of a polycross-test with annual caraway (*Carum carvi* L. var. *annuum hort*). *Zeitschrift Für Arznei- & Gewürzpflanzen* 12:127-135
- Peterson B, Carl P, Boudt K, Bennett R, Ulrich J, Zivot E (2014) PerformanceAnalytics: Econometric tools for performance and risk analysis.
- Ph. Eur. (2020) Kümmel *Carvi Fructus*. In: *Europäisches Arzneibuch*, vol 10. p 2270
- R Core Team (2018) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing.
- Seidler-Lozykowska K, Kuczynska A, Mikolajczyk K, Nowakowska J, Bocianowski J (2014) Estimation of genetic distance among genotypes of caraway (*Carum carvi* L.) using RAPD-PCR. *Acta Sci Agron* 36:183-188 <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v36i2.18197>

- Shi AN et al. (2017) Genetic diversity and population structure analysis of spinach by single-nucleotide polymorphisms identified through genotyping-by-sequencing. *Plos One* 12:25 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0188745>
- Stansell Z, Hyma K, Fresnedo-Ramirez J, Sun Q, Mitchell S, Bjorkman T, Hua J (2018) Genotyping-by-sequencing of Brassica oleracea vegetables reveals unique phylogenetic patterns, population structure and domestication footprints. *Hortic Res* 5:10 <https://doi.org/10.1038/s41438-018-0040-3>
- Toxopeus H (1998) A century of breeding caraway in the Netherlands. In: Németh É (ed) *Caraway The Genus Carum*, vol 7. Medicinal and Aromatic Plants - Industrial Profiles. hardwood academic publishers, Amsterdam, pp 105-128
- Toxopeus H, Bouwmeester HJ (1992) Improvement of caraway essential oil and carvone production in The Netherlands. *Ind Crops Prod* 1:295-301 [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0926-6690\(92\)90031-P](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0926-6690(92)90031-P)
- Toxopeus H, Lubberts HJ (1994) Effect of genotype and environment on carvone yield and yield components of winter-caraway in the Netherlands. *Ind Crops Prod* 3:37-42 [https://doi.org/10.1016/0926-6690\(94\)90076-0](https://doi.org/10.1016/0926-6690(94)90076-0)
- Varghese C, Varghese E, Jaggi S, Bhowmik A (2015) Experimental designs for open pollination in polycross trials. *J Appl Stat* 42:2478-2484 <https://doi.org/10.1080/02664763.2015.1043860>
- von Maydell D, Brandes J, Lehnert H, Junghanns W, Marthe F (2020) Breeding synthetic varieties in annual caraway: observations on the outcrossing rate in a polycross using a high-throughput genotyping system. *Euphytica* 217:1 <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02732-5>
- von Maydell D, Lehnert H, Berner T, Klocke E, Junghanns W, Keilwagen J, Marthe F (2021) On genetic diversity in caraway: Genotyping of a large germplasm collection. *PLoS One* 15:e0244666 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0244666>
- Wei T, Simko V (2017) R package "corrplot": Visualization of a Correlation Matrix (Version 0.84).
- Wickam H (2016) *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag, New York
- Wright AJ (1973) The selection of parents for synthetic varieties of outbreeding diploid crops. *Theor Appl Genet* 43:79-82 <https://doi.org/10.1007/BF00274961>
- Yousef EAA, Muller T, Borner A, Schmid KJ (2018) Comparative analysis of genetic diversity and differentiation of cauliflower (*Brassica oleracea* var. botrytis) accessions from two ex situ genebanks. *Plos One* 13 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0192062>

II Ergebnisse

Linienentwicklung: In einem finalen Schritt der Linienentwicklung wurden 35 Linien der 5. Inzuchtgeneration selektiert. Aus zeitlichen Gründen wurden weitere neun Linien der 4. Inzuchtgeneration für die Versuche verwendet. Alle Linien wurden in der Projektzeit vermehrt und einer Leistungsprüfung unterzogen. Für 18 der insgesamt 44 Linien lagen zum Projektende zweijährige und für alle restlichen Linien einjährige Daten insbesondere zum Ertrag und Ätherischölgehalt vor. Auf Basis dieser Daten schätzten wir sieben Linien als besonders wertvoll ein. Weitere 14 Linien sollten in weiteren Jahren getestet werden. Keine der Linien erreichte jedoch den Ertrag der Populationssorte 'Sprinter'. Dies ist auf Inzuchtdepression zurückzuführen, was wir durch Auskreuzung der Linien nachweisen konnten. Als Nebenergebnis wurde eine starke negative Korrelation zwischen Blühbeginn und Blühende auf der einen Seite und Ertrag auf der anderen Seite gefunden. Die Selektion sich früh entwickelnder Genotypen kann daher empfohlen werden.

Kombinationseignung/Heterosis: Für 18 Linien wurden in einem Polycross F_1 -Populationen erzeugt. Für sieben F_1 -Populationen konnten wir mithilfe genetischer Marker erstmalig für Kümmel die Auskreuzungsrate ermitteln. Die Auskreuzungsrate lag zwischen 52 und 82 % und im Mittel bei 66,5 %, sodass wir ein gemischtes Paarungssystem mit vorwiegender Fremdbestäubung konstatieren können. Die F_1 -Populationen wurden ebenfalls einer zweijährigen Leistungsprüfung unterzogen. Alle F_1 -Populationen erzielten höhere Erträge als die jeweiligen Inzuchtlinien. Daraus folgt, dass Heterosis im Sinne der 'better parent heterosis' bei Kümmel genutzt werden kann und sollte. Erstmalig konnten wir also starke Inzuchtdepression und Heterosis für Kümmel nachweisen. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die Auskreuzung zu einer signifikanten Steigerung des Ertrags, des Tausendkorngewichts (TKG) und der Höhe sowie zu einem früheren Beginn und Ende der Blüte und zu einer früheren Reife führte. Die angestrebte Implementierung der Züchtung synthetischer Sorten für Kümmel sollte daher weiterverfolgt werden. Allerdings erzielten die F_1 -Populationen noch keine deutlich höheren Erträge als die aktuellen Populationssorten. Es bleibt zu zeigen, dass die Kombination der besten Linien zu einer Population die aktuellen Populationssorten tatsächlich übertreffen kann.

Winterannualer Anbau: Bei der Evaluierung von diversem Zuchtmaterial stellten wir fest, dass keine Genotypen vorhanden sind, die gute Winterhärte mit hohem Ätherischölgehalt verbinden. So wies der Genpool der tschechischen Sorte 'Aprim' eine gute Winterhärte aber einen sehr geringen Ätherischölgehalt auf. Im Gegensatz dazu erreichten JKI-Inzuchtlinien einen meist guten Ätherischölgehalt, aber meist nur eine geringe Winterhärte. Bei wenigen Linien mit einer Winterüberlebensrate um 70 % ist unklar, ob diese in härteren Wintern stabil ist. Es sollten mehrere Ansätze zur Entwicklung von Zuchtmaterial für den winterannualen Anbau weiterverfolgt werden: Erstens die Selektion auf höheren Ätherischölgehalt innerhalb von Aprim, zweitens die Selektion auf bessere Winterhärte im sommerannualen Zuchtmaterial und drittens die Kombination beider Genpools durch Kreuzungen. 12 F_2 -Populationen aus derartigen Kreuzungen wurden im Projekt bereits erzeugt.

Molekulargenetische Untersuchungen: Mit einem GBS wurde ein Set aus 137 Akzessionen genotypisiert. Auf Basis von 13,155 (durchgehende Verwendung der englischsprachigen Trenn- und Dezimalzeichens, um Kongruenz mit Abbildungen zu erhalten*) SNPs konnten die individuellen verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen den Genotypen aufgedeckt werden. Die primäre Populationsstruktur war eng mit dem Blühtyp assoziiert. Einzelne SNPs wurden erfolgreich zur Bestimmung der Auskreuzungsrate und für Kreuzungsnachweise in ein PCR-basiertes Marker-System überführt.

Optimierung NIRS: Eine effiziente Vorhersage des Ätherischölgehalts mittels NIRS wurde im Laufe des Projekts etabliert und optimiert. Noch bestehende Ungenauigkeiten sind für züchterische Fragestellungen akzeptabel und können durch höhere Stichprobenumfänge minimiert werden. In Zukunft bedarf es lediglich einer regelmäßigen Validierung der Modelle durch eine Referenzanalytik im geringeren Umfang.

1. Erzielte Ergebnisse

Tabelle 1 stellt die gemäß Vorhabensbeschreibung im Projekt vorgesehenen Arbeitspakete und den zum Projektende erreichten Bearbeitungsstand zusammengefasst dar. Im weiteren Verlauf erfolgt dann eine ausdifferenzierte Darstellung der Ergebnisse. Da einige Arbeitspakete eng verknüpft sind oder aber aus mehreren zu trennenden Fragestellungen bestehen, ist die Darstellung nicht streng nach Arbeitspaketen

gegliedert. Vielmehr erfolgt die Gliederung nach Themengebieten, was eine verknüpfende Darstellung der Ergebnisse ermöglichen soll. Wir verweisen aber zur Orientierung auf die relevanten Arbeitspakete in diesen Themengebieten. Zur statistischen Auswertung wurde hauptsächlich die Software R genutzt (R Core Team 2018) und zur grafischen Darstellung das Paket ggplot2 (Wickam 2016).

* Weitere Hinweise: Die Ergebnisauswertung und Ergebnisdarstellung in Tabellen und Abbildungen wurden im Projekt für ein internationales Publikum und daher in Englisch aufbereitet. Wir haben uns bemüht, einen Großteil der Beschriftungen ins Deutsche zu übertragen. Weiterhin in Englisch verblieben Beschriftungen, die in die Abbildungen integriert sind. Bestehen blieb auch der '.' als Dezimalzeichen und das ',' als Trennzeichen. Um Verwirrungen zu vermeiden wird der '.' auch im Fließtext als Dezimalzeichen verwendet.

Tab. 1: Übersicht über die im Projekt geplanten Arbeitspakete und deren Bearbeitungsstand zum Ende des Projekts.

Arbeitspakete (AP)	Bearbeitungsstand
<p>AP 1</p> <p>Mehrfährige Leistungsprüfungen verbunden mit Selektionsschritten</p> <p>1.1 Leistungsprüfung sommerannuell</p> <p>1.2 Leistungsprüfung winterannuell</p>	<p>1.1 Leistungsprüfungen des sommerannuellen Materials wurden 2019 und 2020 durchgeführt. Für 18 Inzuchtlinien (9-mal I₄ und 9-mal I₅), 18 F₁-Populationen und 4 Standards liegen zweijährige Daten vor. Für 26 weitere Inzuchtlinien liegen einjährige Daten vor.</p> <p>1.2 Eine Leistungsprüfung des vorselektierten winterannuellen Materials wurde 2018/2019 durchgeführt. Es wurde eine zu geringe Winterhärte für einen Ertragstest festgestellt. Daher konzentrierten sich weitere Anstrengungen auf die Schaffung neuen genetischen Materials (AP 11). Des Weiteren wurde das gesamte Zuchtmaterial des JKI auf Winterhärte geprüft.</p>
<p>AP 2</p> <p>Untersuchungen zur Konzentration sekundärer Inhaltsstoffe während der Ontogenese</p>	<p>AP der Dr. Junghanns GmbH, es wurde ein separater Abschlussbericht vorgelegt.</p>
<p>AP 3</p> <p>Erhöhung des Homozygotiegrades durch weitere Inzuchtierung, Zwischenvermehrung und Leistungsprüfung der Nachkommenschaften</p>	<p>Inzuchtlinien der 4. Inzuchtgeneration wurden 2017 und weitere 2018 geselbstet, sodass deren Saatgut die 5. Inzuchtgeneration (I₅) erreicht hat. Insgesamt wurden 35 I₅-Linien selektiert und für Leistungstests (AP 1) vermehrt.</p>
<p>AP 4</p> <p>Charakterisierung der phylogenetischen Distanz der untersuchten Linien im Vergleich mit zweijährigem Material und Wildmaterial</p>	<p>Ein Sortiment aus 137 Genbank-Akzessionen, Sorten, Inzuchtlinien und verschiedenem Züchtungsmaterial wurde zusammengestellt. Das Material stammt ursprünglich aus verschiedenen Ländern Europas, wenige Akzessionen auch aus Nordamerika, Nordafrika oder Asien. Es beinhaltet auch einige Wildsammlungen und enthält sowohl einjährige als auch zweijährige Blühtypen. Zur molekulargenetischen Analyse dieses Materials wurde ein Genotyping by sequencing (GBS) durchgeführt. Die Verarbeitung der GBS-Daten ergab final ein Set von 13,155 SNP-Markern, auf dem weitere genotypische Analysen beruhen.</p> <p>Zusätzlich zur molekulargenetischen Analyse erfolgt eine Phänotypisierung des Materials in Kleinparzellen. Der Versuch wurde 2018 gepflanzt, wobei aufgrund geringer Keimraten des Genbankmaterials ein vollständiger und einheitlicher Versuchsaufbau erschwert wurde. Eine Wiederholung der Phänotypisierung erfolgte 2019/2020.</p>
<p>AP 5</p> <p>Versuche zur Bestandesführung unter landwirtschaftlichen Praxisbedingungen...</p>	<p>AP der Dr. Junghanns GmbH, es wurde ein separater Abschlussbericht vorgelegt.</p>
<p>AP 6</p> <p>Optimierung der Destillation des ätherischen Öls im Praxismaßstab</p>	<p>AP der Dr. Junghanns GmbH, es wurde ein separater Abschlussbericht vorgelegt.</p>
<p>AP 7</p> <p>Abschätzung der Auskreuzungsrate durch molekulargenetische Analyse</p>	<p>Auf Grundlage der Sequenzen, die durch das Genotyping by sequencing (GBS) erstellt wurden (AP 4), wurden sogenannte PACE-Marker erstellt. Diese ermöglichten eine Unterscheidung zwischen Selbstung und Auskreuzung. Für sieben Inzuchtlinien konnte die Auskreuzungsrate im Polycross 2018 (AP 8) festgestellt werden.</p>

Arbeitspakete (AP)	Bearbeitungsstand
<p>AP 1</p> <p>Mehrfährige Leistungsprüfungen verbunden mit Selektionsschritten</p> <p>1.1 Leistungsprüfung sommerannuell</p> <p>1.2 Leistungsprüfung winterannuell</p>	<p>1.1 Leistungsprüfungen des sommerannuellen Materials wurden 2019 und 2020 durchgeführt. Für 18 Inzuchtlinien (9-mal I₄ und 9-mal I₅), 18 F₁-Populationen und 4 Standards liegen zweijährige Daten vor. Für 26 weitere Inzuchtlinien liegen einjährige Daten vor.</p> <p>1.2 Eine Leistungsprüfung des vorselektierten winterannuellen Materials wurde 2018/2019 durchgeführt. Es wurde eine zu geringe Winterhärte für einen Ertragstest festgestellt. Daher konzentrierten sich weitere Anstrengungen auf die Schaffung neuen genetischen Materials (AP 11). Des Weiteren wurde das gesamte Zuchtmaterial des JKI auf Winterhärte geprüft.</p>
<p>AP 2</p> <p>Untersuchungen zur Konzentration sekundärer Inhaltsstoffe während der Ontogenese</p>	<p>AP der Dr. Junghanns GmbH, es wurde ein separater Abschlussbericht vorgelegt.</p>
<p>AP 3</p> <p>Erhöhung des Homozygotiegrades durch weitere Inzuchtierung, Zwischenvermehrung und Leistungsprüfung der Nachkommenschaften</p>	<p>Inzuchtlinien der 4. Inzuchtgeneration wurden 2017 und weitere 2018 geselbstet, sodass deren Saatgut die 5. Inzuchtgeneration (I₅) erreicht hat. Insgesamt wurden 35 I₅-Linien selektiert und für Leistungstests (AP 1) vermehrt.</p>
<p>AP 4</p> <p>Charakterisierung der phylogenetischen Distanz der untersuchten Linien im Vergleich mit zweijährigem Material und Wildmaterial</p>	<p>Ein Sortiment aus 137 Genbank-Akzessionen, Sorten, Inzuchtlinien und verschiedenem Züchtungsmaterial wurde zusammengestellt. Das Material stammt ursprünglich aus verschiedenen Ländern Europas, wenige Akzessionen auch aus Nordamerika, Nordafrika oder Asien. Es beinhaltet auch einige Wildsammlungen und enthält sowohl einjährige als auch zweijährige Blühtypen. Zur molekulargenetischen Analyse dieses Materials wurde ein Genotyping by sequencing (GBS) durchgeführt. Die Verarbeitung der GBS-Daten ergab final ein Set von 13,155 SNP-Markern, auf dem weitere genotypische Analysen beruhen.</p> <p>Zusätzlich zur molekulargenetischen Analyse erfolgt eine Phänotypisierung des Materials in Kleinparzellen. Der Versuch wurde 2018 gepflanzt, wobei aufgrund geringer Keimraten des Genbankmaterials ein vollständiger und einheitlicher Versuchsaufbau erschwert wurde. Eine Wiederholung der Phänotypisierung erfolgte 2019/2020.</p>
<p>AP 5</p> <p>Versuche zur Bestandesführung unter landwirtschaftlichen Praxisbedingungen...</p>	<p>AP der Dr. Junghanns GmbH, es wurde ein separater Abschlussbericht vorgelegt.</p>
<p>AP 8</p> <p>Abschätzung der Stärke eines Heterosiseffektes durch Leistungsvergleich von Linien mit hoher GCA nach Kreuzbestäubung im Vergleich mit diesen Linien ohne Kreuzbestäubung</p>	<p>18 Inzuchtlinien wurden 2018 in einen Polycoss gepflanzt. Die erzeugten 18 F₁-Populationen wurden 2019 und 2020 einer Leistungsprüfung unterzogen (AP 1). Aussagen zum Heterosiseffekt sowie eine Schätzung der GCA konnten vorgenommen werden.</p>
<p>AP 9</p> <p>Entscheidung über weiter zu verfolgenden Zuchtweg in Abhängigkeit von</p>	<p>Wesentliche Aussagen konnten auf Basis der Ergebnisse aus AP 7 und AP 9 getroffen werden.</p>

Arbeitspakete (AP)	Bearbeitungsstand
<p>AP 1</p> <p>Mehrfährige Leistungsprüfungen verbunden mit Selektionsschritten</p> <p>1.1 Leistungsprüfung sommerannuell</p> <p>1.2 Leistungsprüfung winterannuell</p>	<p>1.1 Leistungsprüfungen des sommerannuellen Materials wurden 2019 und 2020 durchgeführt. Für 18 Inzuchtlinien (9-mal I₄ und 9-mal I₅), 18 F₁-Populationen und 4 Standards liegen zweijährige Daten vor. Für 26 weitere Inzuchtlinien liegen einjährige Daten vor.</p> <p>1.2 Eine Leistungsprüfung des vorselektierten winterannuellen Materials wurde 2018/2019 durchgeführt. Es wurde eine zu geringe Winterhärte für einen Ertragstest festgestellt. Daher konzentrierten sich weitere Anstrengungen auf die Schaffung neuen genetischen Materials (AP 11). Des Weiteren wurde das gesamte Zuchtmaterial des JKI auf Winterhärte geprüft.</p>
<p>AP 2</p> <p>Untersuchungen zur Konzentration sekundärer Inhaltsstoffe während der Ontogenese</p>	<p>AP der Dr. Junghanns GmbH, es wurde ein separater Abschlussbericht vorgelegt.</p>
<p>AP 3</p> <p>Erhöhung des Homozygotiegrades durch weitere Inzuchtierung, Zwischenvermehrung und Leistungsprüfung der Nachkommenschaften</p>	<p>Inzuchtlinien der 4. Inzuchtgeneration wurden 2017 und weitere 2018 geselbstet, sodass deren Saatgut die 5. Inzuchtgeneration (I₅) erreicht hat. Insgesamt wurden 35 I₅-Linien selektiert und für Leistungstests (AP 1) vermehrt.</p>
<p>AP 4</p> <p>Charakterisierung der phylogenetischen Distanz der untersuchten Linien im Vergleich mit zweijährigem Material und Wildmaterial</p>	<p>Ein Sortiment aus 137 Genbank-Akzessionen, Sorten, Inzuchtlinien und verschiedenem Züchtungsmaterial wurde zusammengestellt. Das Material stammt ursprünglich aus verschiedenen Ländern Europas, wenige Akzessionen auch aus Nordamerika, Nordafrika oder Asien. Es beinhaltet auch einige Wildsammlungen und enthält sowohl einjährige als auch zweijährige Blühtypen. Zur molekulargenetischen Analyse dieses Materials wurde ein Genotyping by sequencing (GBS) durchgeführt. Die Verarbeitung der GBS-Daten ergab final ein Set von 13,155 SNP-Markern, auf dem weitere genotypische Analysen beruhen.</p> <p>Zusätzlich zur molekulargenetischen Analyse erfolgt eine Phänotypisierung des Materials in Kleinparzellen. Der Versuch wurde 2018 gepflanzt, wobei aufgrund geringer Keimraten des Genbankmaterials ein vollständiger und einheitlicher Versuchsaufbau erschwert wurde. Eine Wiederholung der Phänotypisierung erfolgte 2019/2020.</p>
<p>AP 5</p> <p>Versuche zur Bestandesführung unter landwirtschaftlichen Praxisbedingungen...</p>	<p>AP der Dr. Junghanns GmbH, es wurde ein separater Abschlussbericht vorgelegt.</p>
<p>Auskreuzungsrate und Heterosiseffekt</p>	
<p>AP 10</p> <p>Konzept der synthetischen Sorte</p>	<p>Erste Aussagen konnten auf Basis der Ergebnisse aus AP 7 und AP 9 getroffen werden. Die Prüfung synthetischer Populationen als Sortenkandidaten ist aber noch notwendig, um die Züchtungsmethode abschließend beurteilen zu können. Die Erzeugung synthetischer Populationen für diese Prüfung wurde im Projekt begonnen.</p>
<p>AP 11</p> <p>Schaffung neuer Variabilität durch Kreuzung von Linien mit dem Ziel der Erzeugung eines neuen Genpools</p>	<p>Es wurden mehrere Kreuzungen zwischen ein- und zweijährigen Sorten durchgeführt. Das Material könnte zukünftig der Erforschung der Vererbung des Vernalisationsbedarfs dienen.</p> <p>Als neuer Genpool für den winterannuellen Anbau wurden Kreuzungen der winterharten aber ätherischölarmeren Sorte 'Aprim' mit Inzuchtlinien</p>

Arbeitspakete (AP)	Bearbeitungsstand
<p>AP 1</p> <p>Mehrfährige Leistungsprüfungen verbunden mit Selektionsschritten</p> <p>1.1 Leistungsprüfung sommerannuell</p> <p>1.2 Leistungsprüfung winterannuell</p>	<p>1.1 Leistungsprüfungen des sommerannuellen Materials wurden 2019 und 2020 durchgeführt. Für 18 Inzuchtlinien (9-mal I₄ und 9-mal I₅), 18 F₁-Populationen und 4 Standards liegen zweijährige Daten vor. Für 26 weitere Inzuchtlinien liegen einjährige Daten vor.</p> <p>1.2 Eine Leistungsprüfung des vorselektierten winterannuellen Materials wurde 2018/2019 durchgeführt. Es wurde eine zu geringe Winterhärte für einen Ertragstest festgestellt. Daher konzentrierten sich weitere Anstrengungen auf die Schaffung neuen genetischen Materials (AP 11). Des Weiteren wurde das gesamte Zuchtmaterial des JKI auf Winterhärte geprüft.</p>
<p>AP 2</p> <p>Untersuchungen zur Konzentration sekundärer Inhaltsstoffe während der Ontogenese</p>	<p>AP der Dr. Junghanns GmbH, es wurde ein separater Abschlussbericht vorgelegt.</p>
<p>AP 3</p> <p>Erhöhung des Homozygotiegrades durch weitere Inzuchtierung, Zwischenvermehrung und Leistungsprüfung der Nachkommenschaften</p>	<p>Inzuchtlinien der 4. Inzuchtgeneration wurden 2017 und weitere 2018 geselbstet, sodass deren Saatgut die 5. Inzuchtgeneration (I₅) erreicht hat. Insgesamt wurden 35 I₅-Linien selektiert und für Leistungstests (AP 1) vermehrt.</p>
<p>AP 4</p> <p>Charakterisierung der phylogenetischen Distanz der untersuchten Linien im Vergleich mit zweijährigem Material und Wildmaterial</p>	<p>Ein Sortiment aus 137 Genbank-Akzessionen, Sorten, Inzuchtlinien und verschiedenem Züchtungsmaterial wurde zusammengestellt. Das Material stammt ursprünglich aus verschiedenen Ländern Europas, wenige Akzessionen auch aus Nordamerika, Nordafrika oder Asien. Es beinhaltet auch einige Wildsammlungen und enthält sowohl einjährige als auch zweijährige Blühtypen. Zur molekulargenetischen Analyse dieses Materials wurde ein Genotyping by sequencing (GBS) durchgeführt. Die Verarbeitung der GBS-Daten ergab final ein Set von 13,155 SNP-Markern, auf dem weitere genotypische Analysen beruhen.</p> <p>Zusätzlich zur molekulargenetischen Analyse erfolgt eine Phänotypisierung des Materials in Kleinparzellen. Der Versuch wurde 2018 gepflanzt, wobei aufgrund geringer Keimraten des Genbankmaterials ein vollständiger und einheitlicher Versuchsaufbau erschwert wurde. Eine Wiederholung der Phänotypisierung erfolgte 2019/2020.</p>
<p>AP 5</p> <p>Versuche zur Bestandesführung unter landwirtschaftlichen Praxisbedingungen...</p>	<p>AP der Dr. Junghanns GmbH, es wurde ein separater Abschlussbericht vorgelegt.</p>
	<p>des JKI durchgeführt, die sich durch einen hohen Ätherischölgehalt auszeichnen. Im Herbst 2020 wurde die F₂-Generation zur Aussaat gebracht, um eine erste Selektion auf Winterhärte durchzuführen.</p>
<p>AP 12</p> <p>Optimierung der Vorhersage des Ätherischölgehalts mittels Nahinfrarotspektroskopie (Titel adaptiert)</p>	<p>Die Nahinfrarotspektroskopie wurde erfolgreich zur Vorhersage des Ätherischölgehalts eingesetzt (ca. 10000 Messungen). Die Korrelationen zwischen Referenzwerten (Extraktion, GC-FID), Destillationswerten und Vorhersagewerten waren gut. Ein optimiertes Vorhersagemodell liegt vor. Eine jährliche Validierung zur Vermeidung von Jahres-Effekten bleibt aber sinnvoll.</p>

1.1. Selektion für den sommerannualen Anbau und Evaluierung der Züchtungsmethodik

1.1.1. Erhöhung des Homozygotiegrades durch weitere Inzuchtierung (AP 3)

Material und Methoden Teil 1

Ausgangsmaterial: Im Jahre 2005 wurde mit ausgewählten Inzuchtlinien mit Inzuchtgrad I_3 ein Polycross durchgeführt. Im Jahre 2006 wurde die Allgemeine Kombinationseignung (GCA) für diese Linien ermittelt. – In diesem frühen Stadium der Inzuchtierung waren die Ergebnisse zum Heterosiseffekt nicht eindeutig –. Die besten sechs Linien wurden 2007 erneut mittels Selbstung (Isolation des Hauptsprosses) vermehrt und damit der Inzuchtgrad auf I_4 -Niveau erhöht. Weitere insgesamt 18 Linien wurden in den Jahren 2008, 2009 und 2011 auf dieselbe Weise vermehrt. Einzelpflanzenweise wurden unter anderem Ätherischölgehalt und Ertrag erhoben. Diese Werte standen im Vorfeld des Projektes zur Verfügung und dienten 2017 bzw. 2018 zur Selektion der besten Einzelpflanzen in den insgesamt 24 Linien.

2017 wurden die besten Einzelpflanzen der 2007 vermehrten Linien selektiert und deren Nachkommen in bis zu vier Wiederholungen mit jeweils maximal zehn isolierten Einzelpflanzen mittels Selbstung (Isolation der Hauptdolde, alle Dolden höherer Ordnung blühten frei ab) vermehrt und damit der Inzuchtgrad auf I_5 -Niveau erhöht. Inklusive Standards umfasste der Versuch 52 Prüfglieder (Abbildung 1).

Ätherischölgehalt und Ertrag wurden einzelpflanzenweise untersucht und zur Selektion herangezogen. Des Weiteren wurden Blütezeit, Reifezeit, Befall mit Pilzkrankheiten, Stielchenbesatz und Tausendkorngewicht (TKG) einzelpflanzenweise erhoben. Zur Bestimmung des Ertrages wurde das Erntegut von den über 700 Einzelpflanzen, das von den nicht isolierten Dolden höherer Ordnung stammt, aufgereinigt und gewogen. Zur Bestimmung des Ätherischölgehalts wurde zunächst für alle Einzelpflanzen eine Nahinfrarotspektroskopie durchgeführt mit fünf Aliquots je Probe. Anschließend wurde eine Extraktion für ausgewählte 40 Einzelpflanzen in Doppelbestimmung durchgeführt. Mittels GC-FID wurde der Ätherischölgehalt der Extrakte ermittelt. Auf Grundlage der 40 Werte aus der Extraktion wurden über die Spektren aus der NIRS der Limonen- und Carvongehalt aller Einzelpflanzen vorhergesagt. Nach Vorhersage wurden weitere 30 Einzelpflanzen für die Extraktion ausgewählt, die den gesamten Wertebereich für den Ätherischölgehalt abdecken und so die Vorhersage verbessern sollten. Die Ergebnisse dieser abschließenden Vorhersage sind nun dargestellt. Die angegebenen Werte sind korrigiert für die nach linearer Regression zu erwartenden Werte bei Destillation (siehe AP 12).



Abb. 1: Feldversuch zur Linienentwicklung 2017 mit insgesamt 52 Genotypen mit bis zu vier Wiederholungen und zehn Pflanzen je Wiederholung.

Ergebnisse und Diskussion Teil 1

Mittelwerte und Standardfehler sind in Abbildung 2 für den Ätherischölgehalt und in Abbildung 3 für den Ertrag dargestellt. Diese Werte dienten 2018 zur Selektion der besten Linien und der besten Einzelpflanzen in den Linien. Einige Inzuchtlinien zeigten einen Ätherischölgehalt oberhalb der Standards und über 5 %. Selektiert wurden die besten 18 Linien mit Schwerpunkt auf Ätherischölgehalt, aber auch unter Berücksichtigung des Ertrags (rote Balken in Abbildung 2 und Abbildung 3). Einzelpflanzenenerträge sind nur bedingt aussagekräftig. Es wurde auch vermieden, zu viele Geschwisterlinien zu selektieren, um genetische Diversität zu erhalten.

Die selektierten Linien wurden 2018 zum einen vermehrt, um ab 2019 in Leistungspartellen die Eigenleistung feststellen zu können (AP 1). Zum anderen wurden sie 2018 in einen Polycross gepflanzt, um mit dem darin gewonnenen Saatgut ab 2019 in Leistungspartellen die GCA zu bestimmen (AP 8). Leider war die Keimrate bei neun Linien so gering, dass 2018 erst eine Zwischenvermehrung durchgeführt werden musste. Dies betrifft die Prüfglieder 08, 14, 16, 18, 24, 27, 39, 49 und 52. Diese sind dadurch auf demselben Stand wie die 2018 selektierten Linien (s. unten) und konnten 2020 erstmals auf Leistung getestet werden.

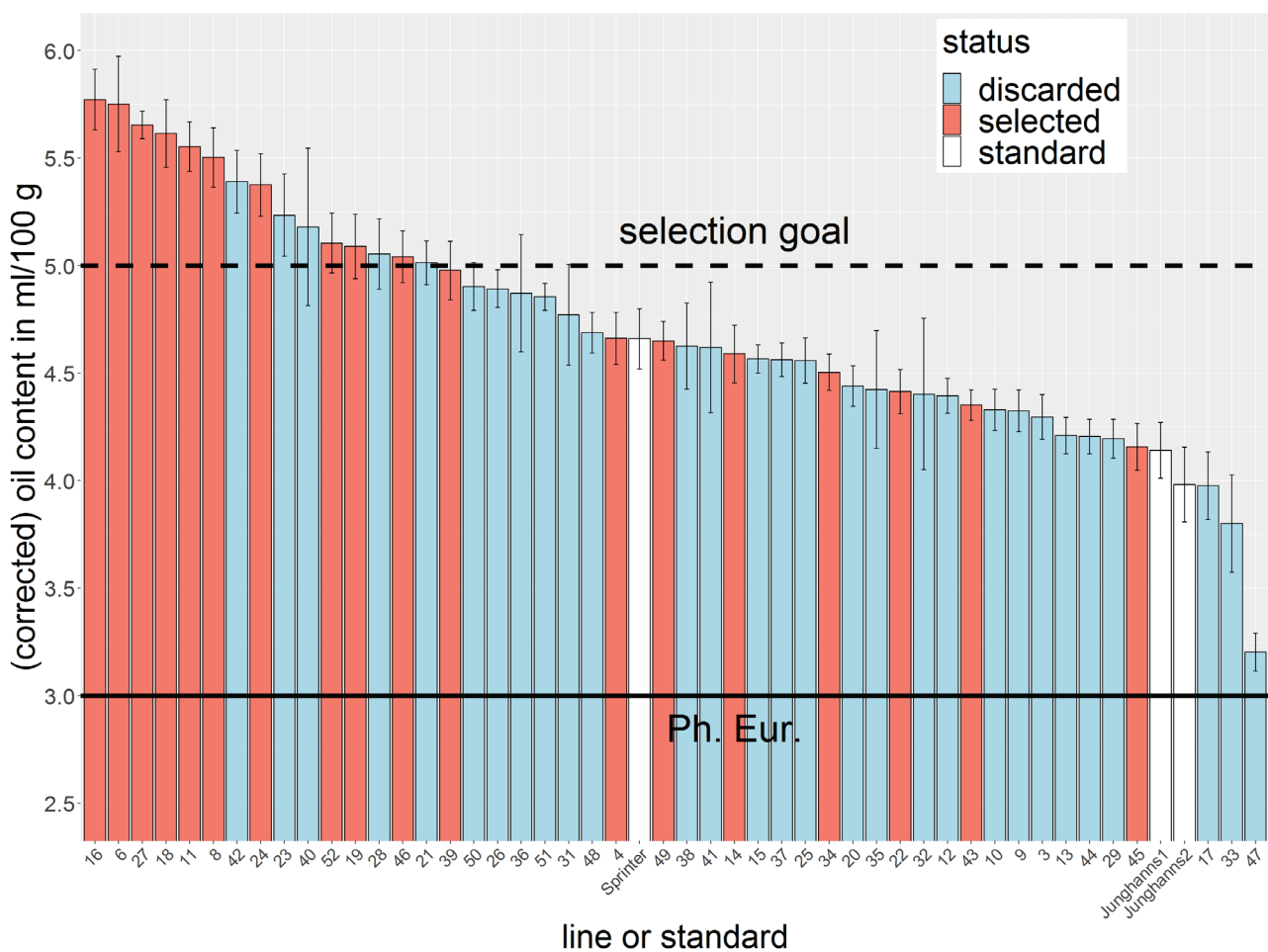


Abb. 2: Ätherischölgehalt (Mittelwerte) von 2017 getesteten Linien und Standards von Kümmel. Fehlerbalken = Standardfehler.



Abb. 4: Feldversuch zur Linienentwicklung 2018 mit insgesamt 100 Genotypen mit bis zu zwei Wiederholungen und zwanzig Pflanzen je Wiederholung.

Ergebnisse und Diskussion Teil 2

Mittelwerte und Standardfehler sind in Abbildung 5 für den Ätherischölgehalt und Abbildung 6 für den Ertrag dargestellt. Diese Werte dienen in 2019 zur Selektion der besten Linien und der besten Einzelpflanzen in den Linien. Aufgrund des besonders trockenen Jahres gab es bei vielen Prüfgliedern nur geringe Erträge bis hin zu vollständigen Ausfällen. Einige Inzuchtlinien zeigten einen Ätherischölgehalt oberhalb der Standards und über 5 %. Selektiert wurden die besten 17 Linien mit Schwerpunkt auf Ätherischölgehalt, aber auch unter Berücksichtigung des Ertrags (rote Balken in Abbildung 5 und 6). Einzelpflanzenenerträge sind nur bedingt aussagekräftig. Es wurde auch vermieden, zu viele Geschwisterlinien zu selektieren, um genetische Diversität zu erhalten. Daher sind einige Linien mit sehr hohem Ätherischölgehalt hier nicht berücksichtigt. Die selektierten Linien wurden 2019 vermehrt, um ab 2020 in Leistungspartellen die Eigenleistung feststellen zu können.

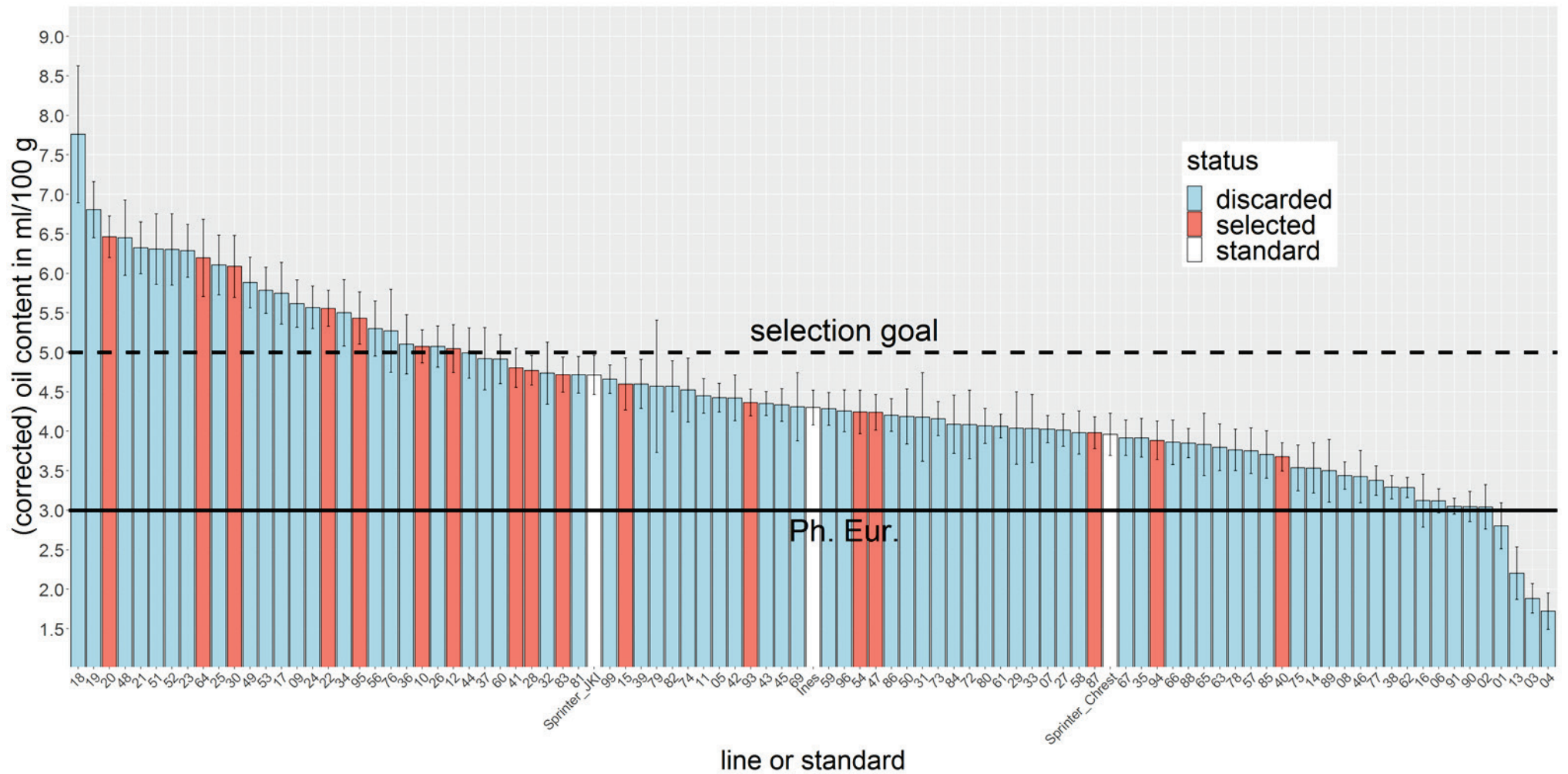


Abb. 5: Ätherischölgehalt (Mittelwerte) von 2018 getesteten Linien und Standards von Kümmel. Fehlerbalken = Standardfehler.

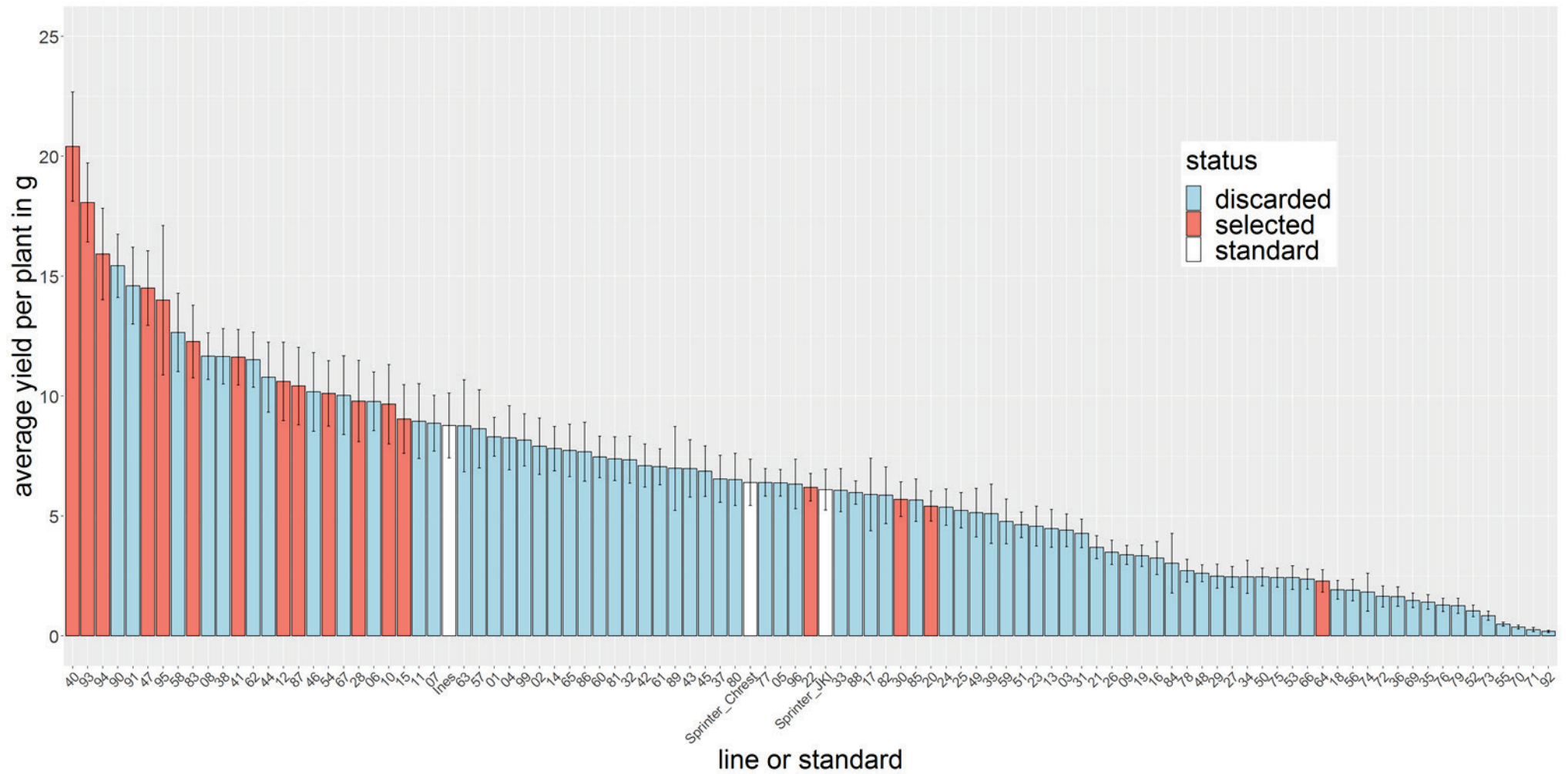


Abb. 6: Ertrag (Mittelwerte) von 2018 getesteten Linien und Standards von Kümmel. Fehlerbalken = Standardfehler.

1.1.2. Polycross: Bestimmung der Auskreuzungsrate und Erzeugung von F₁-Populationen (AP 7 & AP 8)

Einleitung, Material und Methoden

Insbesondere Fremdbefruchter können bei Kreuzbestäubung einen Heterosiseffekt zeigen, d. h. eine bessere Leistung der F₁-Generation gegenüber den Elternlinien. Durch eine Kreuzbestäubung von 18 Inzuchtlinien sollte ermittelt werden, ob ein solcher Heterosiseffekt bei Kümmel als Fremdbefruchter vorliegt. Die Kreuzbestäubung der Linien erfolgte in einem Polycross. In einem Lateinischen Quadrat mit 18 x 18 Einzelpflanzen wurden die Prüfglieder so aufgepflanzt, dass näherungsweise jedes Prüfglied jedes andere mit gleicher Wahrscheinlichkeit bestäuben konnte. Drei solcher Quadrate wurden gepflanzt, um mit 54 Einzelpflanzen je Inzuchtlinie genügend Saatgut für die Feldversuche in Leistungsparzellen der Folgejahre zu erzielen (Abbildung 7). Die Erstellung der Lateinischen Quadrate erfolgte nach Olesen (1976), implementiert bei Varghese et al. (2015).

Der Polycross diente in erster Linie der Saatgutproduktion. Das erzeugte Saatgut wurde aber auch zur Bestimmung der Auskreuzungsrate genutzt. Kenntnisse zur Auskreuzungsrate lagen bisher nicht vor, sind aber äußerst wichtig für die Wahl der geeigneten Züchtungsmethode. Für sieben Inzuchtlinien konnte unter Verwendung von PACE-Markern die Auskreuzungsrate bestimmt werden. Somit haben wir die ersten SNP basierten Marker für Kümmel erstellt und genutzt. Die für das Markersystem notwendigen Primer wurden eigens auf Basis der Sequenzen aus dem GBS (AP 4) generiert. Die Methodik ist im Detail in von Maydell et al. (2020) festgehalten. PACE-Marker sind vergleichbar mit den sogenannten KASP-Markern, die zuletzt häufig in wissenschaftlichen Studien genutzt wurden (Jatayev et al. 2017). Zur Bestimmung der Auskreuzungsrate wurde F₁-Saatgut der sieben Linien ausgesät und für 192 Pflanzen je Linie DNA isoliert.



Abb. 7: Polycross 2018 aus drei Lateinischen Quadraten mit jeweils 18 Inzuchtlinien und 18 Einzelpflanzen je Inzuchtlinie pro Quadrat.

Ergebnisse und Diskussion

Der Anteil heterozygoter Genotypen (= Auskreuzung) lag zwischen 52 und 82 % und im Mittel bei 66,5 % (Abbildung 8). Folglich ist die Auskreuzungsrate zwischen den Linien recht variabel. Für Kümmel kann ein gemischtes Bestäubungssystem mit überwiegender Fremdbefruchtung konstatiert werden. Wichtig bleibt festzustellen, dass die sogenannten F₁-Populationen im Mittel noch zu 1/3 die pure Inzuchtlinie enthalten.

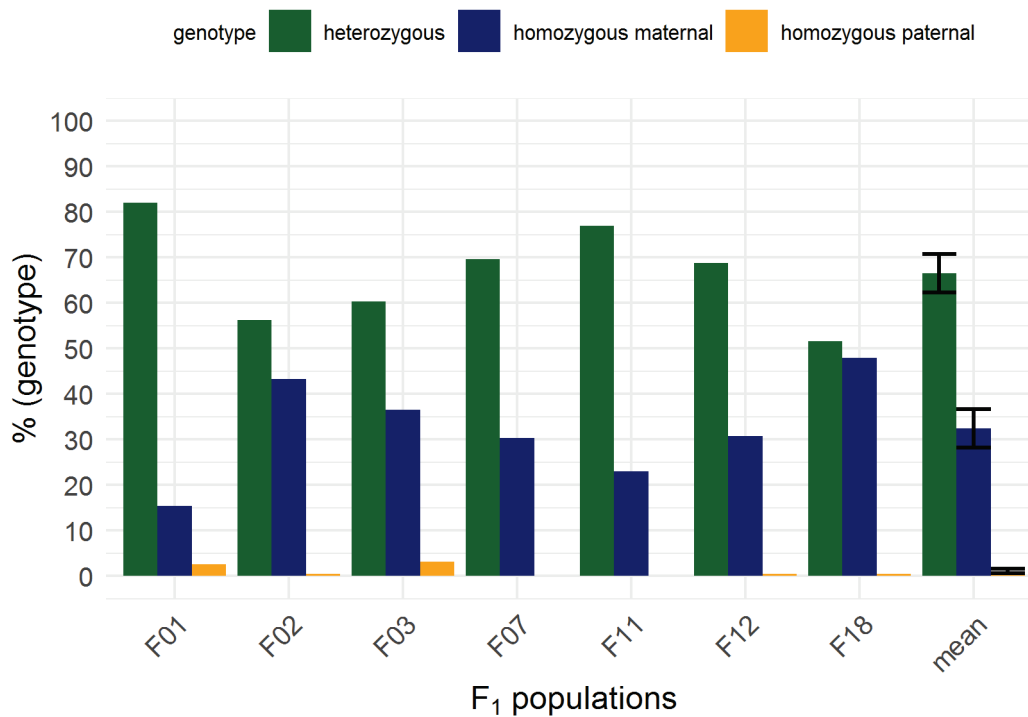


Abb. 8: Auskreuzungsrate für sieben Inzuchtlinien im Polycross 2018 gemessen unter der Verwendung von PACE-Markern. Fehlerbalken = Standardfehler.

Parallel zum Polycross wurden die Blühzeiten der Linien ermittelt. Dafür wurden Daten aus der Phänotypisierung in AP 4 verwendet. Abbildung 9 zeigt, dass alle Linien zwar eine überlappende Blühphase hatten, es aber größere Unterschiede zwischen den Linien in der Blühzeit gab. Es kann also nicht von einer idealen, vollständig zufälligen Bestäubung im Polycross ausgegangen werden. Zudem könnte es Umwelteffekte auf die Auskreuzungsrate geben. Eine Bestimmung der Auskreuzungsrate in anderen Jahren und mit anderen Genotyp-Konstellationen ist zu empfehlen. Insgesamt sollte die Auskreuzungsrate bei Kümmel nicht als Konstante angesehen werden. Mit Blick auf die Bestimmung der Kombinationseignung und Erzeugung synthetischer Populationen kommen wir zu folgenden Hypothesen: Die überwiegende Fremdbefruchtung lässt vermuten, dass bei Kümmel starke Inzuchtdepression und Heterosis gefunden werden kann. Da die Auskreuzung nicht vollständig ist, dürfte die maximal mögliche Heterosis in den F₁- oder Syn₁-Populationen nicht ausgeschöpft werden. Ertragssteigerungen in späteren Syn-Generationen könnten möglich sein. Für eine weiterführende Diskussion sei erneut auf von Maydell et al. (2020) verwiesen. Zudem wird unten zur Beurteilung der Züchtungsmethoden die Auskreuzungsrate nochmals zur Diskussion herangezogen.

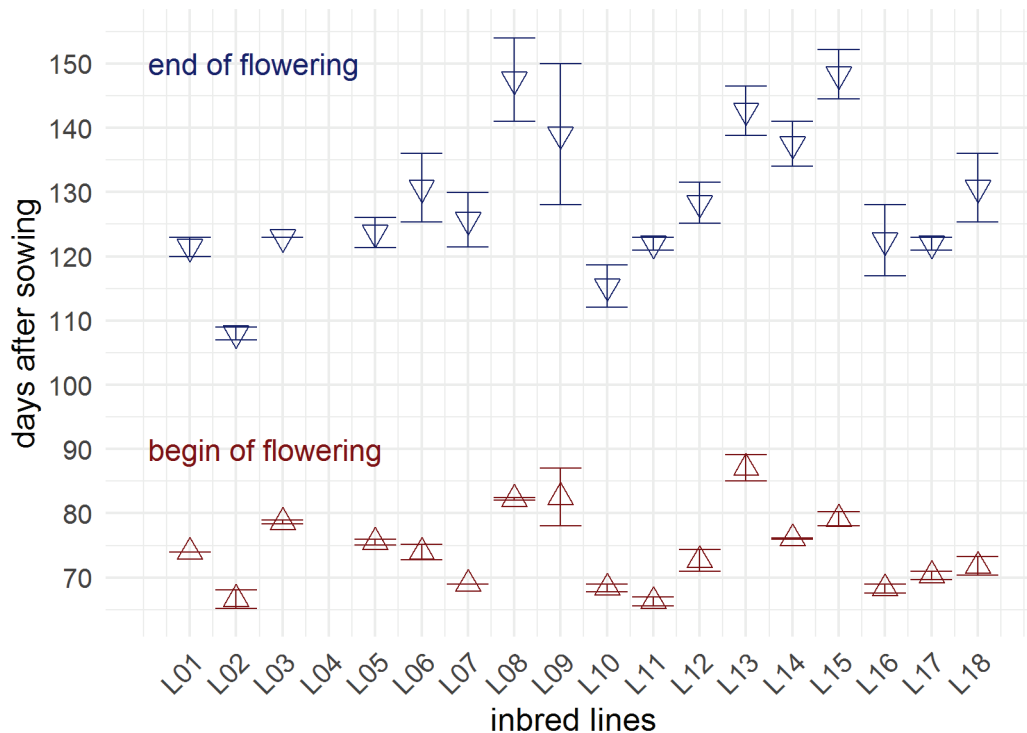


Abb. 9: Blühbeginn (10 % der Parzelle) und Blühende (90 % der Parzelle) für 17 Inzuchtlinien. Erhoben in Kleinparzellen mit ca. 25 Pflanzen je Parzelle in zwei bis drei Wiederholungen, gepflanzt auf Bestäubungsdistanz zum Polycross. Daten für L04 waren nicht verfügbar.

1.1.3. Leistungsprüfung 2019 und 2020: Versuchsaufbau, Deskriptive Statistik, Heritabilität, Korrelationen, Eigenleistung, Inzuchtdepression, Heterosis, Allgemeine Kombinationseignung (AP 1.1, AP 3, AP 8-10)

Einleitung und Methoden

Insbesondere Fremdbefruchter können bei Kreuzbestäubung einen Heterosiseffekt (kurz Heterosis) zeigen, d. h. eine bessere Leistung der F₁-Generation gegenüber dem Mittel der Elternlinien (engl. 'mid parent heterosis'). Züchterisch interessant ist die Heterosis aber nur, wenn die F₁ einen höheren Ertrag als der beste Elter erbringt (Heterobeltiosis, engl. 'better parent heterosis, Kaeppler 2012). Durch eine Kreuzbestäubung von 18 Inzuchtlinien sollte ermittelt werden, ob Heterosis bei Kümmel tatsächlich züchterisch genutzt werden kann. Zudem wurden die Eigenleistung und die Allgemeine Kombinationseignung (GCA) der Linien ermittelt. Letztere berechnet sich als Differenz der Leistung einer F₁-Population zum Mittel aller F₁-Populationen. Die Kreuzbestäubung der Linien erfolgte in einem Polycross (s. 2.1.1.). Die Leistungsprüfung der insgesamt 18 F₁-Populationen, 18 Inzuchtlinien und 4 Vergleichsstandards (Tabelle 2) erfolgte 2019 und 2020 in einer randomisierten vollständigen Blockanlage (Abbildung 10). Blühzeit, Blühende, Erntereife, Pflanzenhöhe, Kornsitze, TKG, Stielchenbesatz, Ertrag und Ätherischölgehalt wurden erhoben. Ein Manuskript zu den Ergebnissen des Versuchs ist zur Veröffentlichung eingereicht, in dem die verwendeten Methoden im Detail dargestellt werden. In einigen Tabellen verwenden wir Abkürzungen für die Merkmale. Die Abkürzungen, Einheiten und Bestimmungsmethoden können Tabelle 3 entnommen werden.

Tab. 2: Übersicht über Benennung und Status der Prüfglieder in der Leistungsprüfung in 2019 und 2020.

Name	Status	Name	Status
L01	Inzuchtlinie	F01	F ₁ -Population der L01
L02-L18	Inzuchtlinien	F02-F18	F ₁ -Populationen der jeweiligen Inzuchtlinien
'Aprim'	Sorte gezüchtet für den winterannuellen Anbau von Agritec Ltd. (Šumperk, Tschechien), Standard für geringen Ätherischölgehalt	Sprinter	Sorte gezüchtet von Chrestensen GmbH (Erfurt), Standard für relativ hohen Ertrag
'Ines'	Selektion/Sorte gezüchtet von Dr. Junghanns GmbH (Ascherleben), meist genutzte Sorte in Sachsen-Anhalt	'Selka'	Selektion des Julius Kühn-Instituts (Quedlinburg), Standard für hohen Ätherischölgehalt

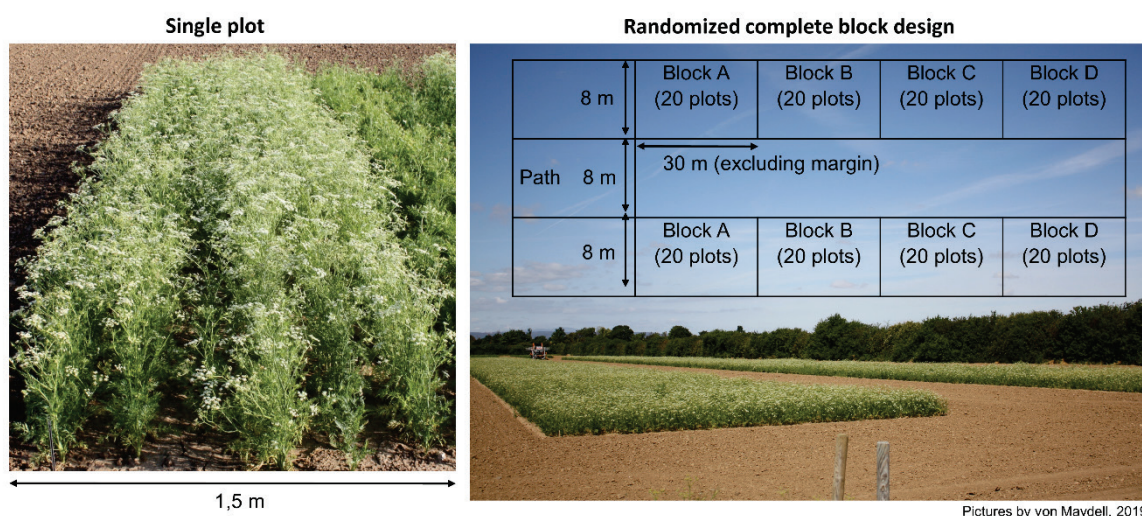


Abb. 10: Feldversuchsanlage der Leistungsprüfung. Links: Darstellung einer Einzelparzelle (1,5 x 8 m). Rechts: Darstellung der vollständig randomisierten Blockanlage.

Tab. 3: Liste der analysierten Merkmale in der Leistungsprüfung. Abk. = Abkürzung.

Abk.	Merkmal	Einheit	Methode der Bestimmung
B10	Blühbeginn von 10 % der Pflanzen in der Parzelle	Tage	Tage nach Aussaat, da 10 % der Pflanzen in der Parzelle blühen, definiert als Öffnung der ersten Dolde
B50	Blühbeginn von 50 % der Pflanzen in der Parzelle	Tage	Tage nach Aussaat, da 50 % der Pflanzen in der Parzelle blühen, definiert als Öffnung der ersten Dolde
B90	Blühbeginn von 90 % der Pflanzen in der Parzelle	Tage	Tage nach Aussaat, da 90 % der Pflanzen in der Parzelle blühen, definiert als Öffnung der ersten Dolde
EOF	Blühende von 90 % der Pflanzen in der Parzelle	Tage	Tage nach Aussaat, da 90 % der Pflanzen in der Parzelle nicht mehr blühen, definiert als Abfallen der Kronblätter in den letzten Dolden
HGT	Pflanzenhöhe	cm	10 aufeinander folgende Pflanzen je Parzelle wurden aufgerichtet und vermessen
MAT	Erntereife der Parzelle	Tage	Tage nach Aussaat, da die Parzelle erntereif ist
SHT	Ausfallrate der Früchte (andersherum auch Kornsitze genannt)	%	10 mal je Parzelle wurde sanft an unterschiedlichen Dolden gezogen und die Anzahl an Fällen gezählt, in denen sich Körner gelöst haben, drei Wiederholungen je Parzelle
YLD	Samen-Ertrag	g/m ²	Parzellenertrag/12
TGW	Tausendkorngewicht	g	100 Körner wurden zufällig ausgezählt und abgewogen, drei Wiederholungen je Parzelle
STA	Stielchenbesatz	%	Anteil an Körnern mit Stielchen von 100 Körnern, drei Wiederholungen je Parzelle
OIL	Ätherischölgehalt	ml/100 g	Destillation von 5 g Erntegut je Parzelle, 24.1 % der Messungen dupliziert

Vor der Begutachtung der einzelnen Linien und F₁-Populationen ist es sinnvoll, einen allgemeinen Überblick über die Daten zu gewinnen. Die Variabilität des Zuchtmaterials in den Merkmalen, die Heritabilität von Merkmalen und Korrelationen zwischen den Merkmalen sind wichtige Kennzahlen, um die Erreichbarkeit der Zuchtziele beurteilen zu können. Zur Berechnung der Heritabilität (h²) im weiteren Sinne und der dafür notwendigen Varianzkomponenten wurden linear-gemischte Modelle auf Basis des R Pakets lme4 implementiert (Bates et al. 2015). Folgende Formel wurde genutzt: $h^2 = \frac{V_G}{V_G + \frac{V_{GY}}{y} + \frac{V_R}{yr}}$, wobei V_G, V_{GY} und V_R für

die Varianzkomponenten Genotyp, Genotyp-Jahr Interaktion und Restfehler stehen. y und r repräsentieren die Anzahl an Jahren bzw. Wiederholungen. Auf Basis der Modelle wurden des Weiteren für jeden Genotyp über beide Anbaujahre 'best linear unbiased estimates' (BLUEs) berechnet, die in diesem Fall identisch mit dem jeweiligen arithmetischen Mittel waren. Da die Daten signifikant von der Normalverteilung abwichen (Shapiro-Wilk-Test), wurden für weitere Auswertungen in der Regel nicht-parametrische Analysen durchgeführt. Zur

Analyse und Darstellung von Korrelationen haben wir die R Pakete Hmisc, corrplot und Performance Analytics genutzt (Harrell 2020; Peterson et al. 2014; Wei and Simko 2017).

Ergebnisse Teil 1

Tab. 4: (1) Zusammenfassende Statistik, (2) Varianzkomponenten und Heritabilität für alle untersuchten Merkmale basierend auf (1) 40 BLUEs oder (2) 320 Messungen. Mean = Arithmetisches Mittel, SD = Standardabweichung, CV = Varianzkoeffizient, Min = Minimum, Max = Maximum, V = Varianzkomponente [G = Genotyp, GY = Genotyp-Jahr Interaktion, Y = Jahr, R = Restfehler], h^2 = Heritabilität im weiteren Sinne. Abkürzungen und Einheiten in Tabelle 3.

Trait	(1) Mean	SD	CV	Min	Max	(2) V_G	V_{GY}	V_Y	V_R	h^2
B10	87.56	4.41	0.05	80.50	98.63	18.58	1.36	7.13	1.29	0.96
B50	91.82	5.23	0.06	84.62	105.25	24.30	5.11	8.10	3.98	0.89
B90	96.71	5.99	0.06	88.00	113.87	30.40	10.46	6.16	2.38	0.85
EOF	129.64	4.48	0.03	120.25	140.38	18.17	3.18	4.35	2.55	0.91
HGT	63.99	5.82	0.09	49.33	73.44	29.88	1.43	0.04	26.68	0.88
MAT	166.67	4.83	0.03	153.75	180.50	18.28	7.82	1.02	9.25	0.78
SHT	86.38	13.46	0.16	41.25	100.00	126.65	78.43	0.00	121.87	0.70
YLD	87.39	35.81	0.41	8.13	135.99	1173.14	139.71	0.00	315.66	0.91
TGW	1.98	0.19	0.10	1.37	2.38	0.02	0.02	0.00	0.02	0.66
STA	1.88	1.41	0.75	0.50	7.38	1.37	0.39	1.41	3.29	0.69
OIL	3.57	0.60	0.17	2.13	5.14	0.22	0.22	0.00	0.20	0.62

Zusammenfassende Daten, Varianzkomponenten und Heritabilitätswerte sind in Tabelle 4 notiert. Korrelationen werden in Abbildung 11 dargestellt. Die hier festgestellten Cluster zwischen den Merkmalen, werden wir zur Strukturierung der folgenden Ergebnisse verwenden.

Entwicklungsmerkmale: Im Allgemeinen zeigte sich eine hohe Variabilität der Genotypen für alle Entwicklungsmerkmale. Der Unterschied zwischen dem frühesten und dem spätesten Genotyp war für den Blühbeginn (B10) mit etwa 18 Tagen am geringsten und für die Reife mit etwa 27 Tagen am höchsten. Der Genotyp-Effekt dominiert eindeutig bei der Analyse der Varianzkomponenten. Die Heritabilität lag zwischen 0.96 für den Blühbeginn (B10) und 0.78 für die Reife. Alle Entwicklungsstadien waren positiv korreliert. Die Korrelationen zwischen der Reife und den anderen Entwicklungsmerkmalen waren etwas geringer. Alle Entwicklungsmerkmale korrelierten negativ mit Ertrag, TKG und Höhe, aber die Korrelationen mit der Höhe waren nicht signifikant. Eine negative Korrelation zwischen Entwicklungsmerkmalen und Ertrag bedeutet anders gesagt, dass früh blühende und reifende Genotypen tendenziell einen höheren Ertrag hatten.

Ertrag, TKG und Höhe: Die geschätzten Werte lagen zwischen 8.13 und 135.99 g / m² für den Ertrag, zwischen 1.37 und 2.38 g für das TKG und zwischen 49.33 und 73.44 cm für die Höhe. Für das TKG und die Höhe beobachteten wir, dass die meisten Genotypen innerhalb des Wertebereichs eher hohe Werte aufwiesen, während die Schätzwerte für den Ertrag breit über den Wertebereich verteilt waren. Für den Ertrag detektierten wir einen dominierenden Genotyp-Effekt bei der Analyse von Varianzkomponenten und eine hohe Heritabilität (0.91). Für die Höhe und das TKG fanden wir einen beträchtlichen Restfehler und für das TKG zusätzlich einen beträchtlichen Genotyp-Jahr-Interaktion. Die Heritabilität war für die Höhe noch hoch (0.88), für das TKG jedoch niedriger (0.66). Die drei Merkmale waren positiv korreliert. Korrelationen mit Entwicklungsmerkmalen sind oben beschrieben. Diese Korrelationen waren auffällig stark und es gab keine Genotypen, die deutlich von der Regressionsgraden abwichen.

Ausfallrate und Stielchenbesatz: Die meisten Genotypen hatten eine hohe Ausfallrate und einen niedrigen Stielchenbesatz. Die Sorte 'Aprim' hatte namentlich die niedrigste Ausfallrate (41.25 %) und lediglich zwei weitere Genotypen (Inzuchtlinien) hatten eine Ausfallrate unter 60 %. Der Genotyp-Effekt war geringfügig höher als der Restfehler bei der Analyse der Varianzkomponenten der Ausfallrate. Die Heritabilität der Ausfallrate betrug 0.7. Der Wertebereich der Stielchenbesatz war ziemlich gering (von 0.5 bis 7.38 %). Der

Restfehler dominiert bei der Analyse der Varianzkomponenten und die Heritabilität betrug 0.69 für den Stielchenbesatz. Beide Merkmale waren negativ korreliert ($r = -0.59$).

Ätherischölgehalt: Der Ätherischölgehalt lag im Bereich von 2.13 bis 5.14 ml/100 g. Die meisten Genotypen zeigten einen Ätherischölgehalt zwischen 3 und 4 ml/100 g. Die Effekte von Genotyp, Genotyp-Jahr-Interaktion und Restfehler waren ungefähr gleich hoch, was zu einer Heritabilität von 0.62 führte. Der hohe Effekt der Genotyp-Jahr-Interaktion geht einher mit widersprüchlichen Beobachtungen zu Korrelationen im Vergleich der beiden Anbaujahre (Einzeljahres-Daten sind hier nicht dargestellt). Im Jahr 2019 korrelierte der Ätherischölgehalt positiv mit dem Ertrag und negativ mit dem Beginn der Blüte und dem Ende der Blüte. Im Jahr 2020 korrelierte der Ätherischölgehalt negativ mit dem Ertrag und positiv mit dem Beginn der Blüte und dem Ende der Blüte. Über beide Jahre war keine Korrelation nachweisbar.

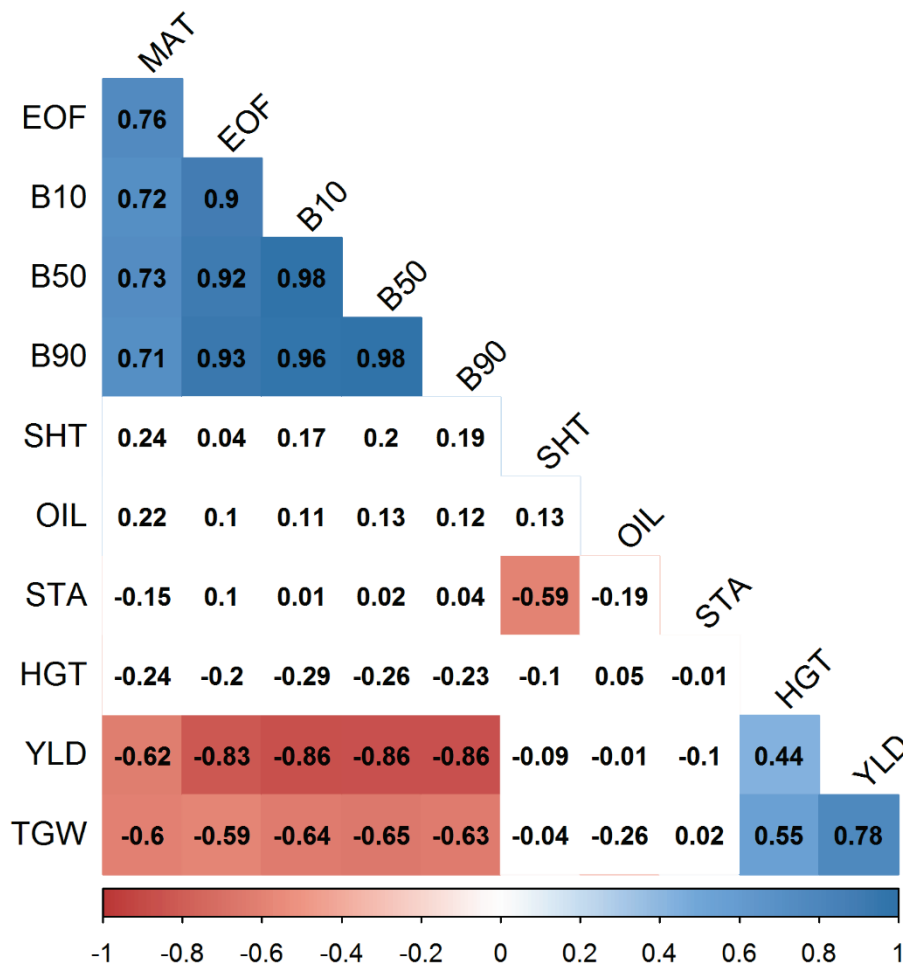


Abb. 11: Spearman Korrelations-Koeffizienten (r). Negative Korrelationen sind durch eine rote Farbskala und positive Korrelationen durch eine blaue Farbskala hervorgehoben. In beiden Fällen stehen dunklere Farben für stärkere Korrelationen. Korrelationen mit r nahe 0 oder Korrelationen mit einem P-Wert <0.05 haben einen weißen Hintergrund. Merkmale sind durch ein hierarchisches Cluster geordnet. Abkürzungen und Einheiten in Tabelle 3.

Diskussion Teil 1

Bisher gibt es keine Veröffentlichungen zu Heritabilitäten von Merkmalen und nur sehr geringfügige Veröffentlichungen zu Korrelationen zwischen Merkmalen bei Kümmel. Umso wertvoller ist eine eingehende Begutachtung dieser Daten. Wir sind uns bewusst, dass Korrelationen und insbesondere die Heritabilität im weiteren Sinne je nach Genotyp-Zusammenstellung, Versuchseinstellungen und Umweltbedingungen variieren können. Daher wollen wir unsere Ergebnisse nicht verallgemeinern, sondern erste Erkenntnisse liefern.

Die Heritabilität für den Ertrag war im Datensatz ungewöhnlich hoch. Dies ist vermutlich auf die hohe Variabilität zwischen den Genotypen zurückzuführen. Bei Selektion auf Linien mit hoher Eigenleistung ist im selektierten Genpool mit geringerer Heritabilität für den Ertrag zu rechnen.

Blühbeginn und Blühende zeigten eine sehr starke Korrelation mit dem Ertrag, eine hohe Heritabilität und können leicht im Feld gemessen werden. Sie könnten wertvolle Merkmale für zukünftige Selektionen auf höheren Ertrag sein, insbesondere in Zuchtstadien, die keine zuverlässige Ertragsschätzung erlauben. Wahrscheinlich werden späte Genotypen in zukünftigen Züchtungsprozessen mit Hinblick auf die geringen Samenerträge dieser Genotypen keine Rolle spielen. Eine starke Selektion gegen späte Genotypen könnte auch das weiter unten diskutierte Problem der Genotyp-Jahr-Interaktions-Effekte beim Ätherischölgehalt teilweise lösen. Die Reife zeigte eine geringere Korrelation mit dem Ertrag und eine geringere Heritabilität. Daher ist dieses Merkmal für Selektionsentscheidungen möglicherweise etwas weniger geeignet.

Es ist nicht überraschend, dass das TKG positiv mit dem Ertrag korreliert. Acimovic et al. (2015) fanden eine starke positive Korrelation zwischen dem TKG und dem Ernteindex für Kümmel. Das TKG ist für Selektionsprozesse jedoch weniger geeignet als Blühbeginn und Blühende, da die Korrelation mit Ertrag und die Heritabilität geringer waren und die Erhebung des TKG deutlich mühsamer ist. Aus Erfahrung wissen wir, dass normalerweise die früh blühenden Dolden der Kümmelpflanzen die Ertragsbildung bei Kümmel dominieren, während spät blühende Dolden nur wenige zusätzliche Samen produzieren. Dies geht einher mit einer Reduktion der weiblichen Organe in späteren Dolden (Pank 2012). Daher dürfte die Selektion auf höheres TKG eine bessere Option sein als die Selektion auf eine höhere Anzahl von Dolden und Samen pro Pflanze.

Die Ergebnisse für die Höhe zeigten eine höhere Heritabilität als das TKG, aber eine geringere Korrelation mit dem Ertrag. Obwohl die Messung der Höhe einfach ist, ist sie möglicherweise kein bevorzugtes Merkmal für Auswahlprozesse. Wir fanden einen großen Restfehler bei der Analyse von Varianzkomponenten, der mit einer hohen Varianz innerhalb der Diagramme verbunden war. Daher kann in Feldversuchen mit geringerer Datenverfügbarkeit pro Genotyp die Heritabilität der Höhe erheblich abnehmen.

Ergebnisse Teil 2

Nach diesem allgemeinen Überblick über die Daten werden wir uns nun die Leistung einzelner Genotypen genauer ansehen. Erstens werden wir uns auf Ertrag und GCA konzentrieren. Zweitens werden wir den Gehalt an ätherischen Ölen als wichtigstes Qualitätsmerkmal analysieren. Drittens werden wir Beobachtungen zu anderen Merkmalen zusammenfassen. Insbesondere werden wir die Beziehung zwischen Inzuchtlinien und entsprechenden F_1 -Populationen untersuchen.

Ertrag und GCA: Abbildung 12 zeigt den durchschnittlichen Samenertrag aller Genotypen über beide Jahre und ermöglicht den Vergleich jeder Inzuchtlinie mit der jeweiligen F_1 -Population (z. B. L01 mit F01). Wir beobachteten einen breiten Wertebereich innerhalb der Inzuchtlinien von 8.13 (L15) bis 109.77 g/m² (L16) und einen durchschnittlichen Samenertrag von 59.33 g/m². In jedem Fall wurde die Inzuchtlinie von der entsprechenden F_1 -Population übertroffen. Die durchschnittliche Samenausbeute der F_1 -Populationen betrug 108.97 g/m². Der Unterschied zwischen Inzuchtlinien und F_1 -Populationen war signifikant (Tabelle 5). Die Inzuchtlinien erreichten nicht das Ertragsniveau der Standardpopulationssorten 'Sprinter' und 'Ines', während mehrere F_1 -Populationen dieses Niveau erreichten. Allerdings übertraf keine F_1 -Population den Standard 'Sprinter' erheblich.

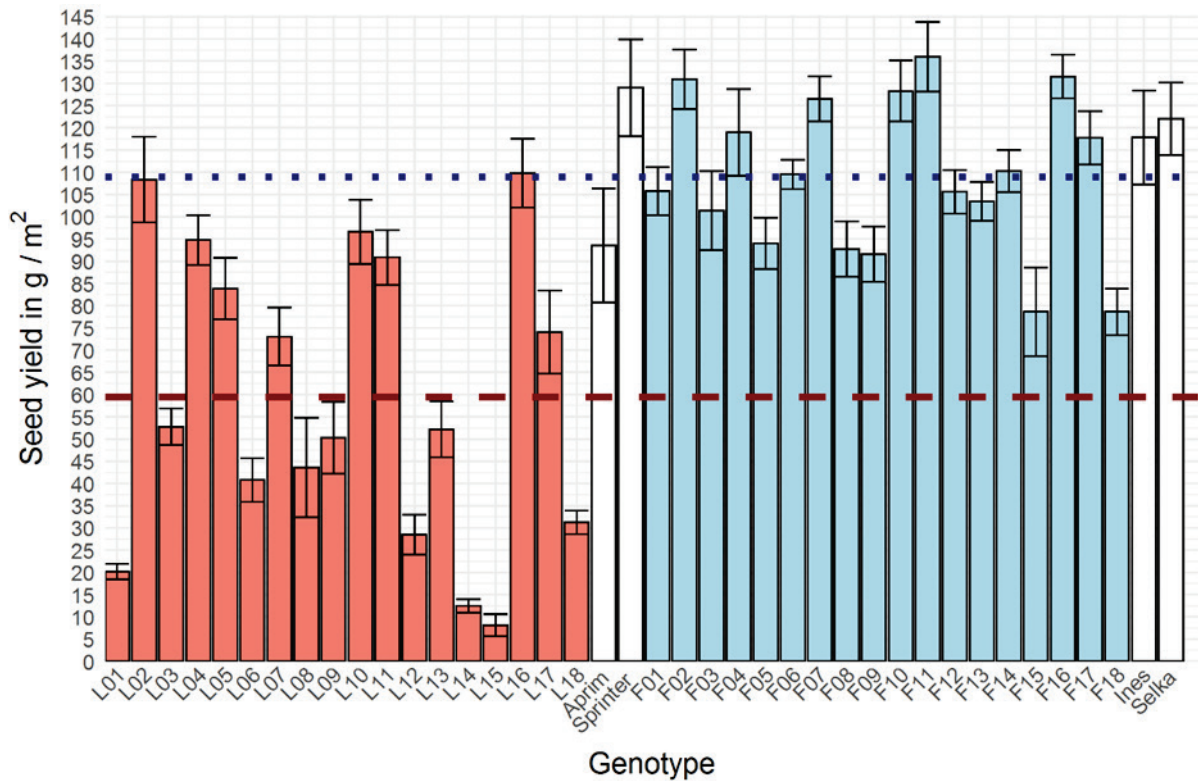


Abb. 12: Durchschnittliche Samenerträge von 40 Genotypen, geprüft in zwei Jahren mit vier Wiederholungen pro Jahr. Rote Balken stehen für Inzuchtlinien, blaue Balken für F₁-Populationen und weiße Balken für Standards. Fehlerbalken = Standardfehler. Gestrichelte rote Linie = durchschnittlicher Samenertrag aller 18 Inzuchtlinien (L01-L18), gepunktete blaue Linie = durchschnittlicher Samenertrag aller 18 F₁-Populationen (F01-F18).

GCA-Schätzungen können bereits aus Abbildung 12 abgerufen werden, indem der individuelle Samenertrag von F₁-Populationen mit ihrem Gesamtmittelwert verglichen wird. In Abbildung 13 sind die GCA-Schätzungen per se für einen einfacheren Vergleich dargestellt. Die lineare Regression ergab, dass 53 % der Variation zwischen F₁-Populationen durch Variation zwischen Inzuchtlinien erklärt werden konnte. Der Ertrag der Mutterlinien korrelierte signifikant mit dem Ertrag der entsprechenden F₁-Populationen (Abbildung 14, Tabelle 5).

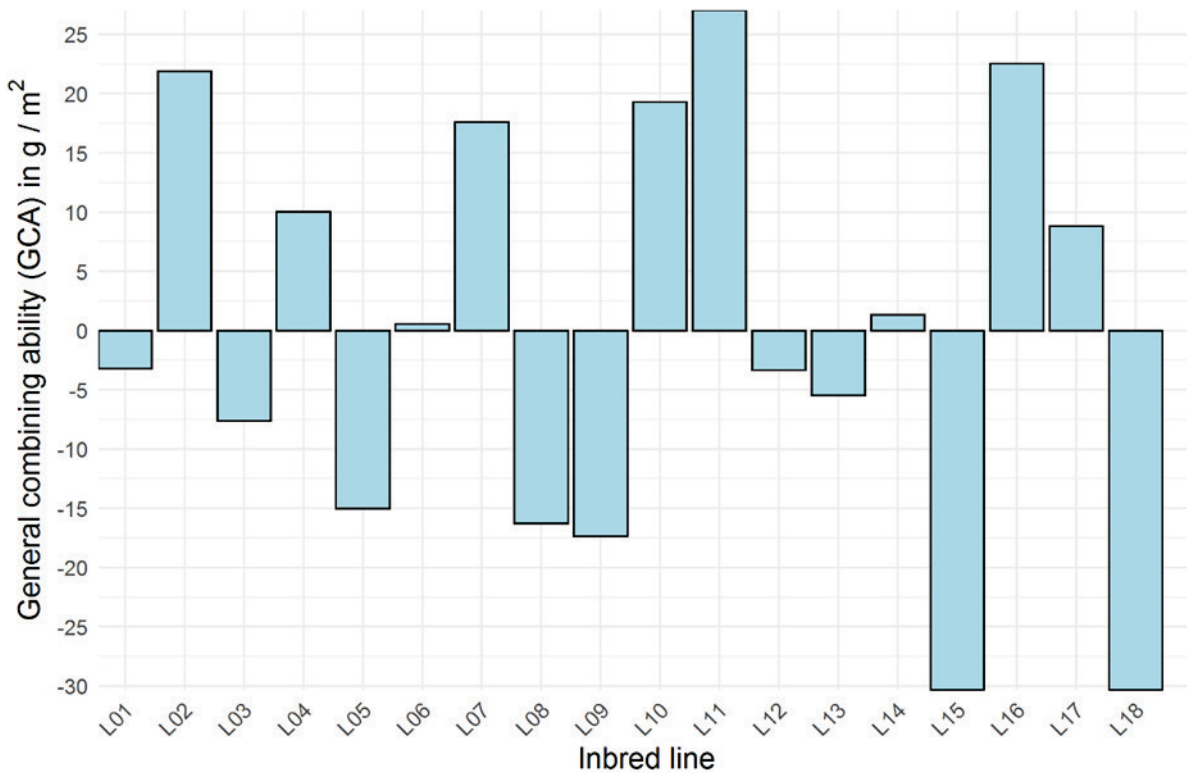


Abb. 13: Allgemeine Kombinationsfähigkeit (GCA) von 18 Inzuchtlinien. Basierend auf BLUEs der 18 entsprechenden F₁-Populationen, geprüft in zwei Jahren mit vier Wiederholungen pro Jahr.

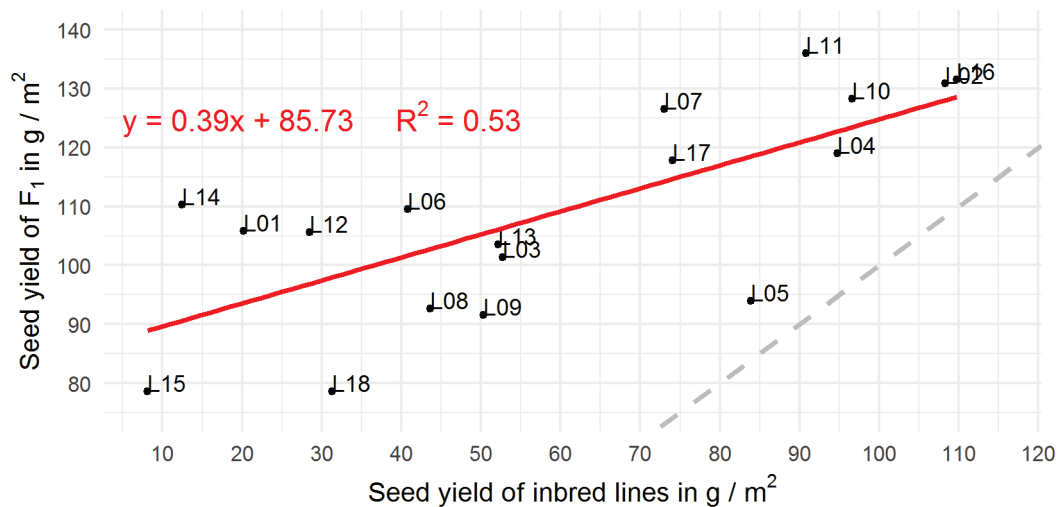


Abb. 14: Lineare Regression zwischen dem Samenertrag von 18 Inzuchtlinien und dem Samenertrag von 18 entsprechenden F₁-Populationen. Basierend auf BLUEs der 18 Inzuchtlinien und 18 entsprechenden F₁-Populationen, geprüft in zwei Jahren mit vier Wiederholungen pro Jahr. R² = Bestimmtheitsmaß. Rote Linie = Regressionslinie, gestrichelte graue Linie = Winkelhalbierende.

Ätherischölgehalt: Abbildung 15 enthält Informationen zum durchschnittlichen Ätherischölgehalt der Genotypen als wichtigstes Qualitätsmerkmal für spätere Auswahlentscheidungen. Wiederum beobachteten wir einen breiten Wertebereich innerhalb der Inzuchtlinien von 2.13 (L11) bis 4.94 ml/100 g (L04). Der Ätherischölgehalt in Inzuchtlinien betrug durchschnittlich 3.6 ml/100 g. Dies ist nahezu identisch mit dem durchschnittlichen Ätherischölgehalt in F₁-Populationen (3.56 ml/100 g). Im Unterschied dazu beobachteten wir eine geringere Variabilität zwischen F₁-Populationen von 2.99 (F03) bis 4.16 ml/100 g (F18). Einzeljahresbeobachtungen waren widersprüchlich: 2019 war der durchschnittliche Ätherischölgehalt in F₁-Populationen geringfügig höher als der Durchschnitt der Inzuchtlinien (3.85 gegenüber 3.41 ml/100 g). Im Jahr 2020 jedoch geringfügig niedriger (3.38 gegenüber 3.79 ml/100 g). Das Bestimmtheitsmaß zeigt, dass 35 % der Variation zwischen F₁-Populationen durch Variation zwischen Inzuchtlinien erklärt werden kann. Die Korrelation war signifikant (Tabelle 5).

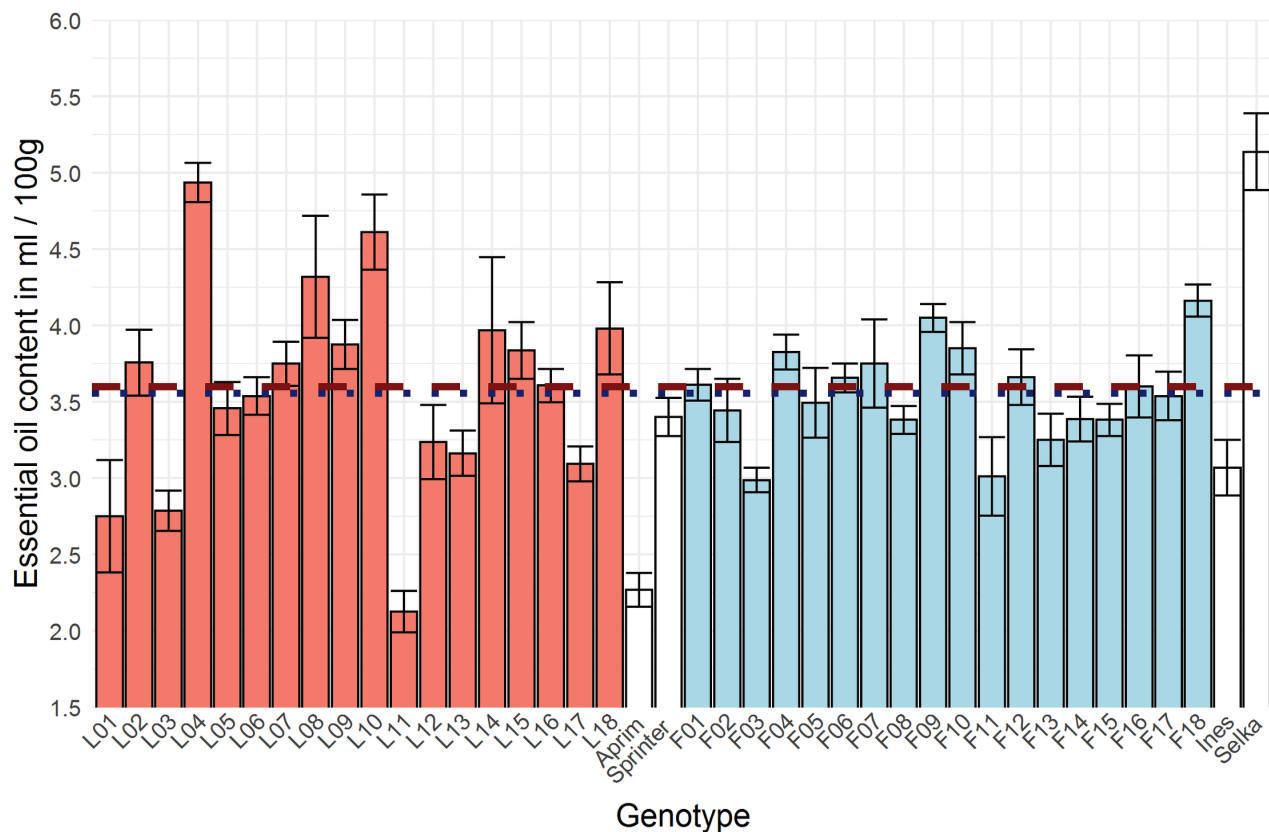


Abb. 15 Durchschnittlicher Ätherischölgehalt gemessen durch Destillation von 40 Genotypen, geprüft in zwei Jahren mit vier Wiederholungen pro Jahr. Rote Balken stehen für Inzuchtlinien, blaue Balken für F1-Populationen und weiße Balken für Standards. Fehlerbalken = Standardfehler. Gestrichelte rote Linie = durchschnittlicher Ätherischölgehalt aller 18 Inzuchtlinien (L01-L18), gepunktete blaue Linie = durchschnittlicher Ätherischölgehalt aller 18 F1-Populationen (F01-F18).

Andere Merkmale: Abgesehen vom Ertrag fanden wir signifikante Unterschiede zwischen Inzuchtlinien und F₁-Populationen für alle Entwicklungsmerkmale, Größe und TKG. Zusammenfassend waren F₁-Populationen früher in der Entwicklung, Pflanzen wuchsen höher und Samen waren schwerer (Tabelle 5). Wir fanden eine signifikante Korrelation zwischen den Werten der Inzuchtlinien und den entsprechenden F₁-Populationen für alle Merkmale außer der Höhe. Das Bestimmtheitsmaß lag im Bereich von 0.26 (Stielchenbesatz) bis 0.78 (Ausfallrate, Tabelle 5).

Tab. 5: (1) Ergebnisse von gepaarten Wilcoxon-Tests und (2) Werte im Zusammenhang mit einer linearen Regressionsanalyse. Beides für paarweise Vergleiche zwischen Inzuchtlinien und den entsprechenden F₁-Populationen innerhalb der untersuchten Merkmale. Basierend auf 18 paarweisen Vergleichen zwischen BLUES aus 18 Inzuchtlinien und 18 entsprechenden F₁-Populationen, geprüft in zwei Jahren mit vier Wiederholungen pro Jahr. Merkmalabkürzungen und Einheiten in Tabelle 3. Mittelwert (I) = Durchschnitt aller Inzuchtlinien. Mittelwert (F₁) = Durchschnitt aller F₁-Populationen. DIF (F₁ - I) = Differenz zwischen Mittelwert (F₁) und Mittelwert (I). RMSE = Wurzel aus dem mittleren quadratischen Fehler. R² = Bestimmtheitsmaß

Trait	(1) Mean (I)	Mean (F ₁)	DIF (F ₁ - I)	P value	(2) RMSE	R ²	P value
B10	90.32	86.06	-4.26	<0.001	1.00	0.64	<0.001
B50	95.06	89.91	-5.15	<0.001	1.04	0.64	<0.001
B90	100.20	94.78	-5.42	<0.001	1.66	0.55	<0.001
EOF	131.56	129.47	-2.09	0.019	1.39	0.63	<0.001
HGT	59.78	67.67	7.89	<0.001	2.77	0.06	0.332
MAT	168.77	166.01	-2.76	0.005	1.80	0.48	0.002
SHT	85.21	89.05	3.84	0.417	3.03	0.78	<0.001
YLD	59.53	108.97	49.44	<0.001	11.81	0.53	<0.001
TGW	1.84	2.08	0.24	<0.001	0.04	0.49	0.001
STA	2.20	1.68	-0.52	0.196	0.92	0.26	0.031
OIL	3.60	3.56	-0.04	0.962	0.25	0.35	0.01

Diskussion Teil 2

Inzuchtdepression und Heterosis:

Kümmelzüchter haben stets erwartet, dass Inzucht Inzuchtdepression bei Kümmel verursachen würde. Sie empfahlen, an der Populationszüchtung festzuhalten (Toxopeus 1998). Nach unserem besten Wissen haben wir nun zum ersten Mal gezeigt, dass bei Kümmel nach Inzucht tatsächlich eine starke Inzuchtdepression auftritt. Wir fanden einige Inzuchtlinien mit sehr geringem Ertrag, die als stark inzuchtdepressive Linien beschrieben werden können. Alle Inzuchtlinien erreichten nicht das Ertragsniveau der Populationsorte 'Sprinter'. Ein Ertragstest der JKI-Zuchtlinien in der dritten Inzuchtgeneration und der entsprechenden F_1 -Populationen hatte noch keine starke Inzuchtdepression und Heterosis aufgedeckt (Pank et al. 2007). Möglicherweise wurde die Inzuchtdepression hauptsächlich in den folgenden Schritten der Inzuchtierung erzeugt. Schließlich können wir argumentieren, dass Inzuchtdepression als Kehrseite von Heterosis (Mackay et al. 2021) als erwiesen angesehen werden kann, wenn wir Beweise für Heterosis liefern können.

Alle und vor allem auch die Inzuchtlinien mit dem besten Ertrag zeigten nach dem Auskreuzen im Polycross eine Ertragssteigerung. Daher können wir feststellen, dass Heterosis als 'better parent heterosis' bei Kümmel genutzt werden kann. Während wir diese allgemeine Aussage entschieden treffen können, ist eine Aussage zur Heterosis für jede Inzuchtlinie schwieriger. Die vorherigen Untersuchungen des Polycross ergaben, dass wir im Polycross keine vollständig zufällige Bestäubung annehmen können. Darüber hinaus hatten Inzuchtlinien unterschiedliche Auskreuzungsraten (von Maydell et al. 2020). Ohne Kenntnis der väterlichen Seite der F_1 -Populationen können wir für einzelne Linien weder die 'mid parent heterosis' noch die 'better parent heterosis' berechnen. Solche Berechnungen dürften jedoch eher von wissenschaftlichem Interesse als von Bedeutung für den Züchtungsfortschritt sein. Nicht die Heterosis, sondern die GCA wird verwendet, um Komponenten für eine synthetische Sorte auszuwählen.

GCA und Eigenleistung:

Theoretisch sollte die GCA die meisten Informationen enthalten, die zur Auswahl von Komponenten für eine synthetische Sorte erforderlich sind. Die GCA sollte sich aus der Eigenleistung einer Linie und der durch Auskreuzung erzeugten Heterosis zusammensetzen. Auf dieser Annahme könnte die Eigenleistung bei Auswahlentscheidungen ignoriert werden. Wright (1973) und weitere Autoren diskutierten die Verwendung der allgemeinen Sorteneignung (GVA) anstelle von GCA, wodurch die Eigenleistung zusätzlich beachtet wird, insbesondere wenn die Anzahl der Komponenten gering ist. Dadurch sollte im Wesentlichen die Abnahme der Heterozygotie gemäß dem Hardy-Weinberg-Gleichgewicht in Syn_2 oder späteren Generationen berücksichtigt werden. Wir müssen jedoch das gemischte Paarungssystem von Kümmel im Auge behalten. Da die maximal mögliche Auskreuzung in der Syn_1 -Generation wahrscheinlich nicht erreicht wird, erwarten wir eher, dass die Auskreuzung fortschreitet und die Heterozygotie in der Syn_2 -Generation oder späteren Generationen zunimmt. In diesem Fall könnte die Bedeutung der Eigenleistung bei Nutzung der ermittelten GCA zur Selektion tatsächlich leicht überschätzt werden.

Wenn wir berücksichtigen, dass die Eigenleistung stark mit der GCA korreliert und dass das gemischte Paarungssystem ein statistisches Rauschen verursacht, könnte man sich fragen, ob kostspielige GCA-Tests überhaupt erforderlich sind. Es könnte kostengünstiger sein, einige verschiedene Kombinationen von Inzuchtlinien mit hohem Ertrag direkt nach einer Vorselektion auf hohe Eigenleistung zu testen. Dies gilt sicherlich für den vorliegenden Datensatz von nur etwa fünf wertvollen Inzuchtlinien. In naher Zukunft dürfte der Pool wertvoller Inzuchtlinien (s. u.) erheblich erweitert werden. In einem größeren Pool von Inzuchtlinien mit hohem Ertrag sollte der Effekt der Eigenleistung abnehmen und andere Faktoren wie die genetische Distanz könnten an Bedeutung gewinnen. Hier könnte ein GCA-Test geeignet sein, um die besten Kombinationen zu finden. Unabhängig von dieser Annahme haben Kümmel-Züchtungsprogramme, wie bei den meisten Arzneipflanzen, normalerweise ein begrenztes Budget, so dass das Testen ausgewählter Kombinationen eine kostengünstige Alternative bleiben könnte.

Es war nicht überraschend, dass der Ertrag der Inzuchtlinien mit dem Ertrag der jeweiligen F_1 -Populationen korrelierte und dass wir solche Korrelationen für die meisten anderen Merkmale fanden. Erstens trägt die Mutterlinie genetisch zu 50 % zu einer F_1 -Population bei. Zweitens steigt dieser Anteil aufgrund unvollständiger Auskreuzung. Im Durchschnitt sollte etwa ein Drittel der Pflanzen einer F_1 -Population genetisch mit der Mutterlinie identisch sein. Auf der anderen Seite waren wir überrascht, dass die Parzellen der F_1 -Populationen visuell ziemlich einheitlich zu sein schienen, d. h. sie zeigten eine homogene Blüte, Reife und Pflanzenhorizont. Wir vermuten, dass inzuchtdepressive Pflanzen innerhalb der Parzelle unterdrückt wurden. Sollte diese Annahme zutreffen, könnte dies Auswirkungen auf unsere Erwartungen für Syn_1 , Syn_2 und spätere

synthetische Generationen haben. Erstens könnte in der Syn₁ bereits mehr Heterosis genutzt werden, als wir zuvor argumentiert haben, wenn ausgekreuzte Individuen den größten Teil des Raums in einer Parzelle einnehmen. Zweitens könnte sich eine synthetische Population quasi von selbst verbessern und Auskreuzung über Generationen hinweg begünstigen. Synthetische Populationen sollten über mehrere Generationen untersucht werden, um Daten für solche Fragestellungen zu sammeln.

Selektion auf höheren Ätherischölgehalt

Nach dem Ertrag ist der Ätherischölgehalt als wichtigstes Qualitätsmerkmal zu analysieren. Die Heritabilität des Ätherischölgehalts war nur mittelmäßig, teilweise aufgrund eines hohen Genotyp-Jahr-Interaktions-Effekts. Wir gehen davon aus, dass dies mit den widersprüchlichen Befunden zu Korrelationen zwischen dem Ätherischölgehalt und anderen Merkmalen bei separater Betrachtung der beiden Anbaujahre einhergeht. Wir beobachteten, dass die meisten früh blühenden Genotypen im Jahr 2020 einen niedrigeren Ätherischölgehalt aufwiesen als im Jahr 2019, während die meisten spät blühenden Genotypen im Jahr 2020 einen höheren Ätherischölgehalt aufwiesen. Wir gehen davon aus, dass der Ätherischölgehalt in erheblichem Maße von den Wetterbedingungen in bestimmten Entwicklungsstadien abhängt. So könnten die Wetterbedingungen für sich früh entwickelnde Genotypen anders gewesen sein als für sich spät entwickelnde Genotypen, z. B. in der frühen Reifephase. Basierend auf Zweijahresdaten können wir nicht sagen, ob die Bedingungen für sich früh oder spät entwickelnde Genotypen häufiger günstig sein könnten. Bisher können wir empfehlen, sich bei Selektionsentscheidungen nicht auf Unterschiede im Ätherischölgehalt von Genotypen mit unterschiedlichen Blüte- oder Reifezeiten zu verlassen. Mit anderen Worten, die Heritabilität des Ätherischölgehalts sollte bei Genotypen mit ähnlichem Entwicklungstempo höher sein. Für Wissenschaftler und Landwirte ist es sicherlich ein interessantes Thema zu untersuchen, welche Wetterparameter in welchen Entwicklungsstadien den Ätherischölgehalt beeinflussen. Laribi et al. (2009) fanden einen Anstieg des Ätherischölgehalts nach induziertem Wassermangel. Toxopeus and Bouwmeester (1992) berichteten über eine Korrelation zwischen dem Ätherischölgehalt und der summierten globalen Strahlung und der durchschnittlichen Windgeschwindigkeit, die ungefähr über die Reifezeit gemessen wurden. Bouwmeester et al. (1995) zeigten, dass eine Schattierung in der frühen Kornfüllungsphase den Ätherischölgehalt verringerte, während die Schattierung in der späten Kornfüllungsphase den Ätherischölgehalt erhöhte. Diese Beobachtungen geben wertvolle Hinweise, um Umwelteinflüsse auf den Ätherischölgehalt auch in unserem Datensatz zu untersuchen. Hierfür sollten Daten aus weiteren Anbaujahren gesammelt werden.

Obwohl Genotyp-Jahr-Interaktions-Effekte den Züchtungsfortschritt beeinträchtigen, sollten wir den ebenso hohen Genotyp-Effekt nicht unberücksichtigt lassen. Am wichtigsten ist, dass wir Inzuchtlinien gefunden haben, die akzeptable Erträge mit einem hohen Gehalt an ätherischen Ölen kombinieren. Daher können wir auf einen höheren Ätherischölgehalt innerhalb des gegebenen Pools selektieren. Der Pool wertvoller Linien ist zwar begrenzt, dürfte aber durch weitere Linien erweitert werden (s. u.). Normalerweise zeigen Qualitätsmerkmale keine starke Inzuchtdepression und Heterosis (Mackay et al. 2021). Unsere Ergebnisse stimmen mit dieser allgemeinen Beobachtung überein, da wir in beiden Jahren keinen signifikanten Unterschied zwischen Inzuchtlinien und entsprechenden F₁-Populationen fanden. Die F₁-Populationen sind jedoch früher in der Entwicklung, was den Ätherischölgehalt in beide Richtungen beeinflussen könnte. Dies ist wahrscheinlich abhängig von den Wetterbedingungen zur Kornfüllungsphase wie oben diskutiert.

Bedeutung anderer Merkmale für Selektionsentscheidungen:

Wahrscheinlich hatten ehemalige Kümmelzüchter Einblicke in Korrelationen zwischen Merkmalen und in Heritabilitäten von Merkmalen, aber wir fanden in der Literatur nur marginale Statistiken. Solche Statistiken können wertvolle Hilfsmittel für Selektionsentscheidungen in der Züchtung sein. Die Züchtung von Arzneipflanzen ist oft diskontinuierlich und Wissen kann leicht verloren gehen. Daher halten wir es für wichtig, unsere Ergebnisse ausführlich darzustellen und zu diskutieren. Wir sind uns bewusst, dass Korrelationen und insbesondere die Vererbbarkeit im weiteren Sinne in Abhängigkeit von der Genotyp-Zusammenstellung, den Versuchseinstellungen und den Umweltbedingungen variieren können. Daher wollen wir unsere Ergebnisse nicht verallgemeinern, sondern erste Erkenntnisse liefern.

Entwicklungsmerkmale: Der Beginn und das Ende der Blüte zeigten eine sehr starke Korrelation mit dem Ertrag, eine hohe Heritabilität und können leicht gemessen werden. Sie könnten wertvolle Merkmale für Selektionen auf höheren Ertrag sein, insbesondere in Zuchtstadien, die keine zuverlässigen Ertragsschätzungen erlauben. Wahrscheinlich werden sich spät entwickelnde Genotypen aufgrund der geringen Erträge in zukünftigen Züchtungsprozessen keine Rolle spielen. Außerdem könnten in einem

ausgewählten Pool früh blühender Genotypen die Genotyp-Jahr-Interaktions-Effekte Ätherischölgehalt, wie oben diskutiert, verringert sein. Die Reife zeigte eine geringere Korrelation mit dem Ertrag und eine geringere Heritabilität. Daher ist dieses Merkmal für Selektionen auf höheren Ertrag möglicherweise etwas weniger geeignet. Pank (2012) erwähnt die frühe Reifung als Zuchtziel für den einjährigen Kümmel. Eine frühe Blüte und Reifung könnte aufgrund einer besseren Wasserverfügbarkeit, besserer Bestäubungsbedingungen oder der Vermeidung von Krankheitserregern wie Mehltau vorteilhaft sein. Wir möchten jedoch nicht ausschließlich einen Kausalzusammenhang postulieren, d. h., dass eine frühe Entwicklung per se zu einer Erhöhung des Ertrags führt. Einige Genotypen haben möglicherweise nur eine höhere "allgemeine Vitalität", z. B. aufgrund einer effizienteren Produktion von Metaboliten, was mit einem schnelleren vegetativen Wachstum, einer früheren generativen Entwicklung und höheren Erträgen einhergehen könnte. Dies könnte auch die wahrscheinlichste Erklärung für die frühere Entwicklung von F₁-Populationen im Vergleich zu Inzuchtlinien sein.

TKG und Höhe: Es ist nicht überraschend, dass der Ertrag positiv mit dem TKG korrelierte. Acimovic et al. (2015) fanden eine starke positive Korrelation zwischen dem TKG und dem Ernteindex für einjährigen Kümmel. Das TKG ist möglicherweise weniger für Selektionsprozesse geeignet als der Beginn oder das Ende der Blüte, da die Korrelation mit dem Ertrag und die Heritabilität geringer waren und die Messung mühsamer ist. Aus Erfahrung wissen wir, dass normalerweise die früh blühenden Dolden von Kümmelpflanzen die Ertragsbildung dominieren, während spät blühende Dolden nur wenige zusätzliche Samen ansetzen. Dies geht einher mit einer Reduktion der weiblichen Organe in späteren Dolden (Pank 2012). Daher könnte die Selektion auf ein höheres TKG eine bessere Option sein, als die Selektion auf eine höhere Anzahl von Dolden und Samen pro Pflanze. Die Ergebnisse für die Höhe zeigten eine höhere Heritabilität als für das TKG, aber eine geringere Korrelation mit dem Ertrag. Obwohl die Schätzung der Höhe einfach ist, ist sie möglicherweise kein empfehlenswertes Merkmal für Selektionsprozesse. Wir fanden einen großen Restfehler bei der Analyse der Varianzkomponenten, der mit einer hohen Varianz innerhalb der Parzellen verbunden war. Daher könnte in Feldversuchen mit geringerer Datenverfügbarkeit pro Genotyp die Heritabilität der Höhe erheblich abnehmen. Sowohl für das TKG als auch für die Höhe fanden wir einen Heterosis-Effekt, der mit der positiven Korrelation mit dem Ertrag einhergeht.

Ausfallrate und Stielchenbesatz: Die Selektion auf geringere Ausfallrate ist ein allgemeines Zuchtziel für Kümmel (Pank 2012). Toxopeus and Lubberts (1994) stellten nach zu später Ernte von zweijährigen Sorten schwere Ertragsverluste fest, während der Ertrag von Sorten mit reduzierter Ausfallrate durch späte Ernte nicht beeinflusst wurde. In unserer Studie zeigten nur die Sorte Aprim und zwei Inzuchtlinien eine deutlich verringerte Ausfallrate. Es muss berücksichtigt werden, dass die Bestimmung der Ausfallrate sehr subjektiv sein kann. Normalerweise wurde die Ausfallrate durch eine Boniturnote bewertet. Wir haben versucht, eine intervallskalierte Methode zu implementieren. Die Ergebnisse hängen immer noch stark von der Stärke ab, mit der die oder der Prüfende an den Dolden zieht. Genau genommen war die Ausfallrate, wie wir sie gemessen haben, weder ein Maß für den tatsächlichen noch ein Maß für den potentiellen Verlust von Samen vor oder während der Ernte, sondern ein ungefähres Maß für die Festigkeit, mit der reife Samen mit der Dolde verbunden sind. Im Gegensatz zu Toxopeus and Lubberts (1994) fanden wir keine negative Korrelation zwischen der Ausfallrate und Ertrag. Dies könnte auf den unausgeglichene Datensatz zurückzuführen sein, aber wahrscheinlich haben wir die Parzellen auch rechtzeitig geerntet, sodass schwere Verluste durch Ausfallen von Samen vermieden wurden. In zukünftigen praktischen Versuchen mit Standard-Erntemaschinen bleibt abzuwarten, ob die erhöhte Ausfallrate innerhalb des ausgewählten Zuchtmaterials des JKI ein Problem sein könnte.

Einige Landwirte gaben an, dass starke, nicht ausfallende Genotypen zu höherem Stielchenbesatz führen könnten. Ein hoher Stielchenbesatz im Erntegut wirkt sich nachteilig auf dessen Vermarktung aus. Da wir eine negative Korrelation zwischen der Ausfallrate und dem Stielchenbesatz gefunden haben, könnte diese Aussage zutreffen. Wir haben einen maximalen Stielchenbesatz von 7.38 % gemessen, was für die Vermarktung noch kein Problem darstellt. Der Stielchenbesatz kann jedoch stark von Ernte- und Nacherntetechniken abhängen (Pank 2012) und könnte ein Problem beim praktischen Anbau sein. Dies bliebe also zu untersuchen, sollte man Linien aus dem kleinen Pool von Genotypen mit reduzierter Ausfallrate selektieren.

1.1.4. Leistungsprüfung 2020 für alle 44 Inzuchtlinien (AP 1.1, AP 3)

Einleitung und Material und Methoden

Aufgrund einer notwendigen Zwischenvermehrung 2019 konnten 26 der insgesamt 44 selektierten Linien erst 2020 der ersten Leistungsprüfung unterzogen werden. Diese Linien wurden parallel zum oben beschriebenen Versuch in einer randomisierten vollständigen Blockanlage mit vier Wiederholungen und 12 m² großen Parzellen getestet (Abbildung 16). Es wurden dieselben vier Standards wie im obigen Versuch verwendet, sodass der Versuch insgesamt 30 Genotypen umfasste. Es wurden ebenfalls Blühzeit, Blühende, Erntereife, Pflanzhöhe, Kornsit, TKG, Stielchenbesatz, Ertrag und Ätherischölgehalt mit den in Tabelle 4 beschriebenen Methoden erhoben. Über die Standards konnten die Linien aus den zwei Teilversuchen miteinander verglichen werden. Über ein linear-gemischtes Modell (R Paket lme4, Bates et al. 2015) wurden 'best linear unbiased estimates' berechnet.



Abb. 16: Leistungsprüfung 2020 in zwei Teilversuchen. Vorn Teilversuch 1 mit 26 Linien und vier Standards und hinten Teilversuch 2 mit 18 Linien, 18 F₁-Populationen und vier Standards.

Ergebnisse und Diskussion

Die Notwendigkeit einer Standardisierung der Ertragswerte wird in Abbildung 17 ersichtlich. Die Standards erzielten im zweiten Teilversuch deutlich niedrigere Erträge. Bodenunterschiede sind als eine mögliche Ursache zu nennen. Die Verrechnung über ein linear-gemischtes Modell kann solche Unterschiede nur näherungsweise ausgleichen. Es ist nur insofern gültig wie ein linearer Zusammenhang zwischen dem Ertrag der Standards und dem Ertrag der Linien über die verschiedenen Umwelten besteht. Auf Basis der vorliegenden Daten kann dies nicht beurteilt werden. Die standardisierten Ertragswerte sind in Abbildung 18 dargestellt. Für Linien mit extrem geringen Erträgen im Teilversuch 2 ergaben sich durch die Verrechnung Negativerträge, die im engeren Sinne selbstverständlich nicht als real angesehen werden dürfen. Wie schon bei den 18 Linien des obigen Teilversuchs zeigten auch die weiteren 26 getesteten Linien eine starke bis mittlere Inzuchtdepression. Als hervorzuhebende Ausnahme erreichte jedoch die Linie L40 das Ertragsniveau von 'Sprinter'. Insgesamt detektierten wir einige weitere Linien mit vielversprechender Eigenleistung.

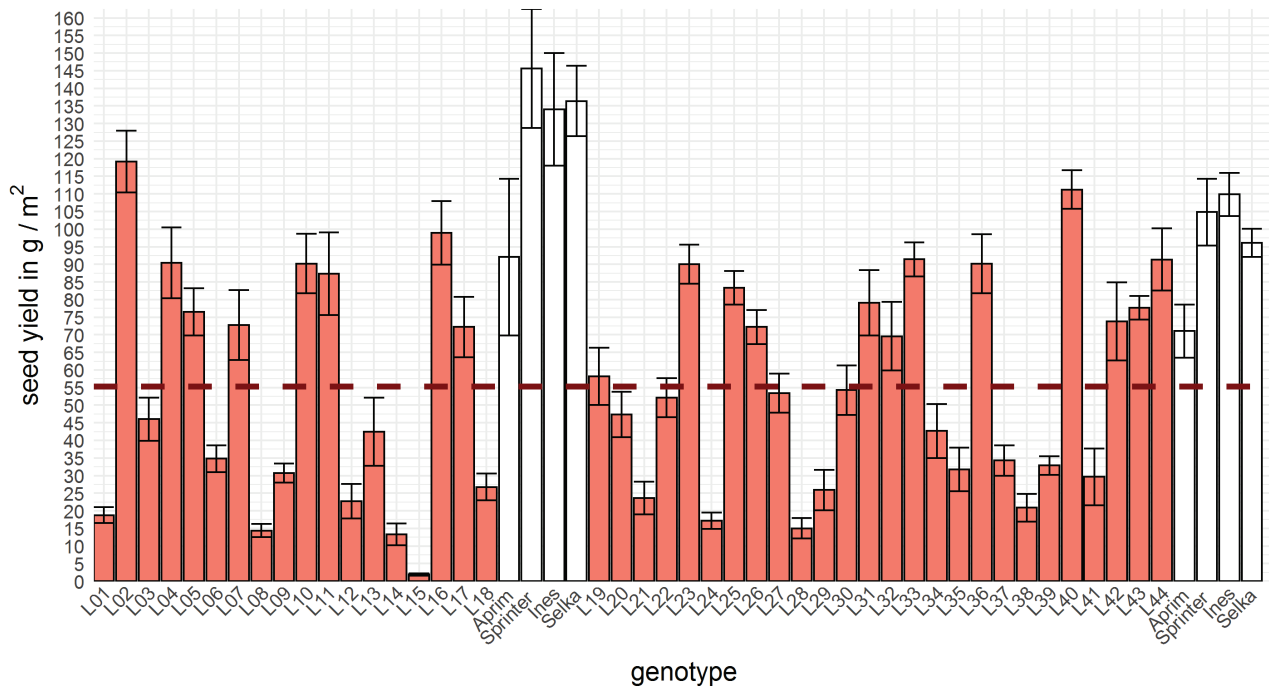


Abb. 17: Durchschnittliche Samenerträge von 44 Linien und vier Standards, geprüft in 2020 mit vier Wiederholungen. Die Linien L01 bis L18 und die Linien L19 bis L44 standen jeweils in getrennten, aber benachbarten Teilversuchen. Die Standards waren in beiden Teilversuchen vertreten. Rote Balken stehen für Inzuchtlinien und weiße Balken für Standards. Fehlerbalken = Standardfehler. Gestrichelte rote Linie = durchschnittlicher Samenertrag aller 44 Inzuchtlinien.

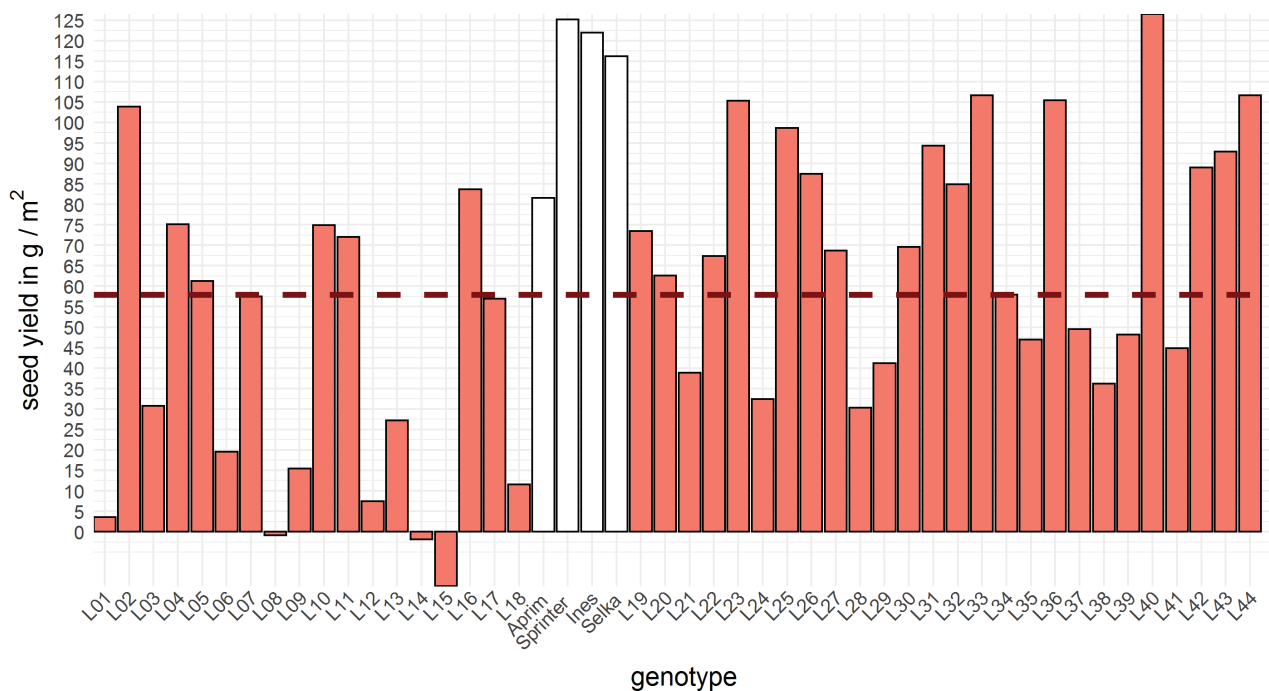


Abb. 18: BLUEs für den Ertrag von 44 Linien und vier Standards, geprüft in 2020 mit vier Wiederholungen. Die Linien L01 bis L18 und die Linien L19 bis L44 standen jeweils in getrennten, aber benachbarten Teilversuchen. Die Standards waren in beiden Teilversuchen vertreten. Rote Balken stehen für Inzuchtlinien und weiße Balken für Standards. Fehlerbalken = Standardfehler. Gestrichelte rote Linie = durchschnittlicher Samenertrag aller 44 Inzuchtlinien.

Beim Ätherischölgehalt waren die Unterschiede zwischen den beiden Teilversuchen bei den Standards geringer (Abbildung 19). Dennoch war eine Verrechnung über ein linear-gemischtes Modell sinnvoll (Abbildung 20). Erfreulich viele Linien übertrafen deutlich den Ätherischölgehalt von 'Sprinter' (Abbildung 20) und zeigten auch eine vielversprechende Eigenleistung (Abbildung 18). In Abbildung 21 sind der Ertrag gegen den Ätherischölgehalt aufgetragen. Diese Abbildung wurde zur Selektion der besten Linien genutzt, die eine gute

Eigenleistung mit einem hohen Ätherischölgehalt vereinen. Insgesamt haben wir sieben Linien als besonders wertvoll bewertet. Weitere 14 Linien sollten in weiteren Jahren getestet werden. Zudem erachten wir die Ermittlung der GCA für diese Linien als sinnvoll. Abbildung 22 verdeutlicht, dass die schon im ersten Teilversuch detektierte starke negative Korrelation zwischen Blühbeginn und Ertrag über alle Linien eine generelle Gültigkeit hat. Die Selektion sich früh entwickelnder Genotypen bleibt somit empfehlenswert und wird sich zwangsläufig durch die Selektion von Linien mit hoher Eigenleistung ergeben.

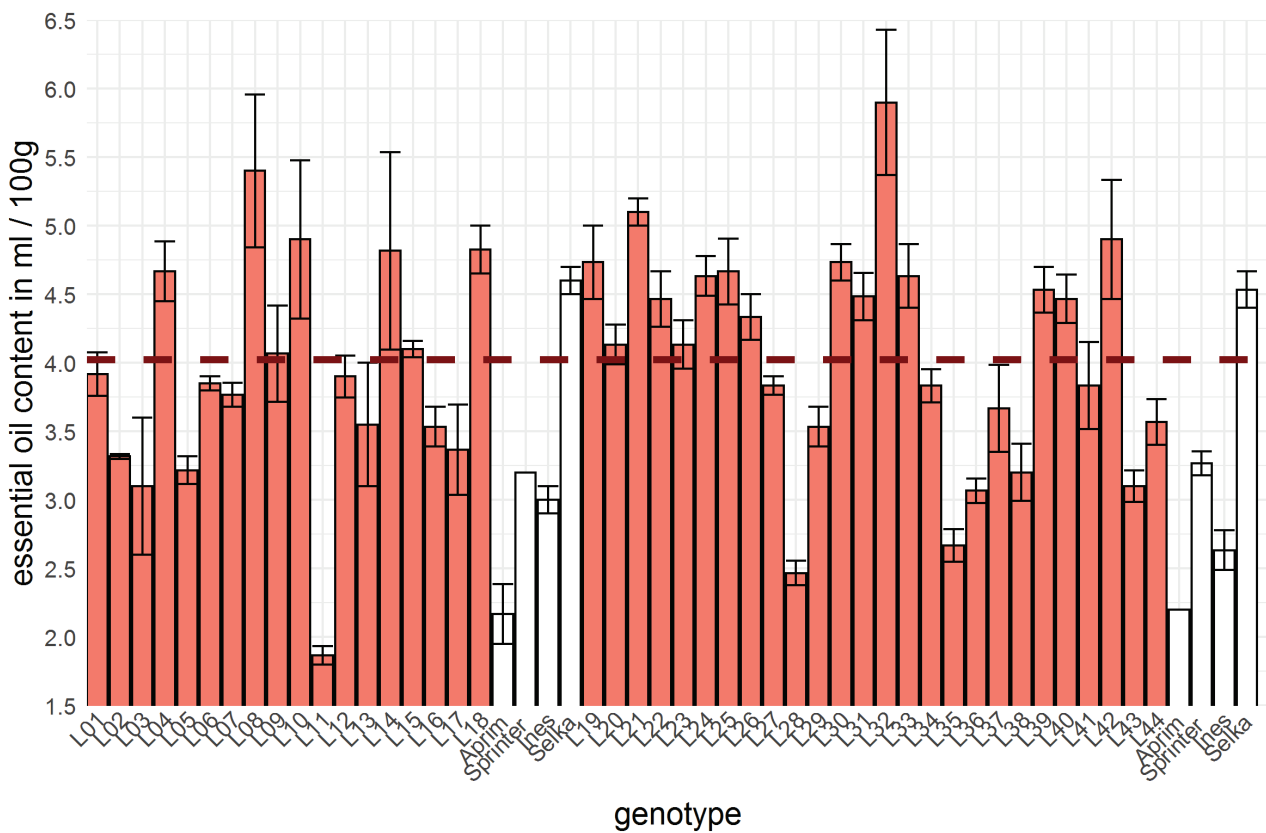


Abb. 19: Durchschnittlicher Ätherischölgehalt von 44 Linien und vier Standards, geprüft in 2020 mit vier Wiederholungen. Die Linien L01 bis L18 und die Linien L19 bis L44 standen jeweils in getrennten, aber benachbarten Teilversuchen. Die Standards waren in beiden Teilversuchen vertreten. Rote Balken stehen für Inzuchtlinien und weiße Balken für Standards. Fehlerbalken = Standardfehler. Gestrichelte rote Linie = durchschnittlicher Ätherischölgehalt aller 44 Inzuchtlinien.

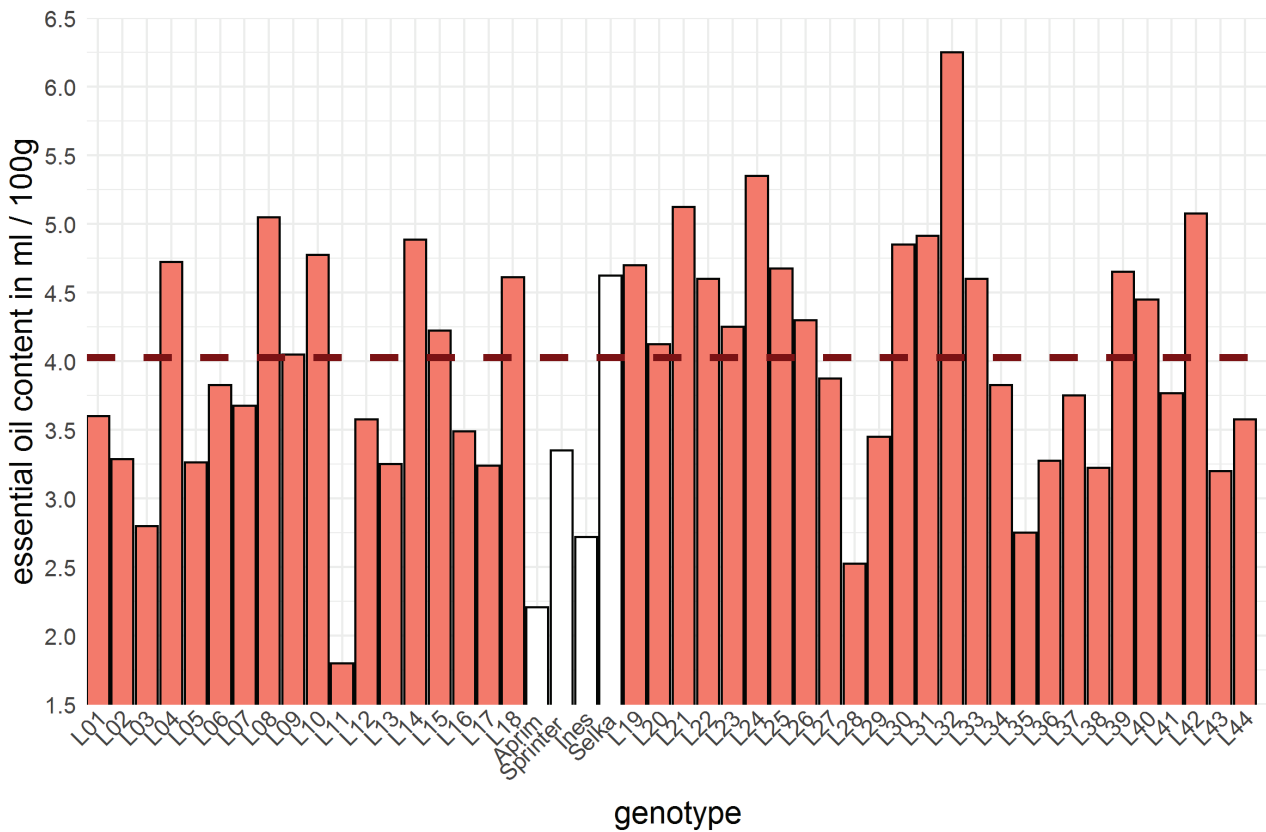


Abb. 20: BLUEs für den Ätherischölgehalt von 44 Linien und vier Standards, geprüft in 2020 mit vier Wiederholungen. Die Linien L01 bis L18 und die Linien L19 bis L44 standen jeweils in getrennten, aber benachbarten Teilversuchen. Die Standards waren in beiden Teilversuchen vertreten. Rote Balken stehen für Inzuchtlinien und weiße Balken für Standards. Fehlerbalken = Standardfehler. Gestrichelte rote Linie = durchschnittlicher Ätherischölgehalt aller 44 Inzuchtlinien.

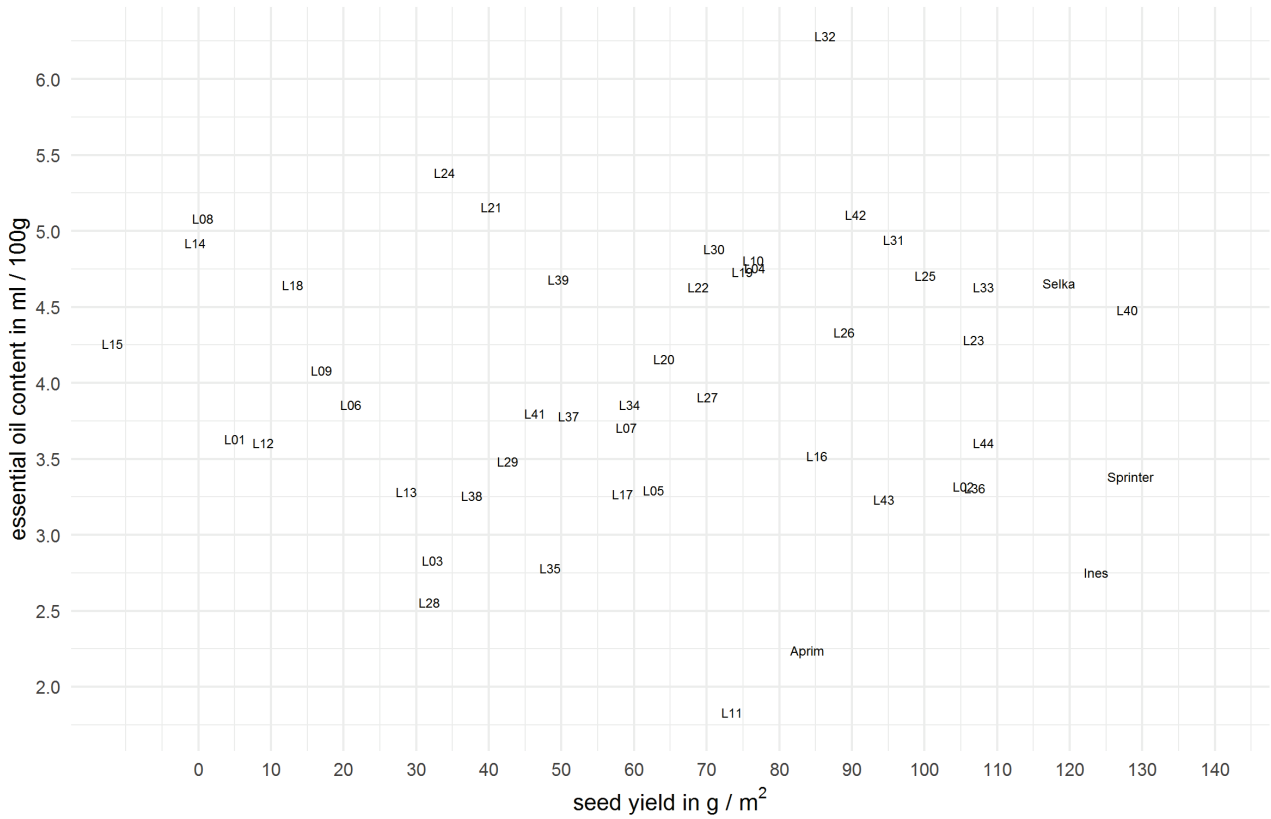


Abb. 21: BLUEs für den Ertrag (x-Achse) und den Ätherischölgehalt (y-Achse) von 44 Linien und vier Standards, geprüft in 2020 mit vier Wiederholungen. Die Linien L01 bis L18 und die Linien L19 bis L44 standen jeweils in getrennten, aber benachbarten Teilversuchen. Die Standards waren in beiden Teilversuchen vertreten.

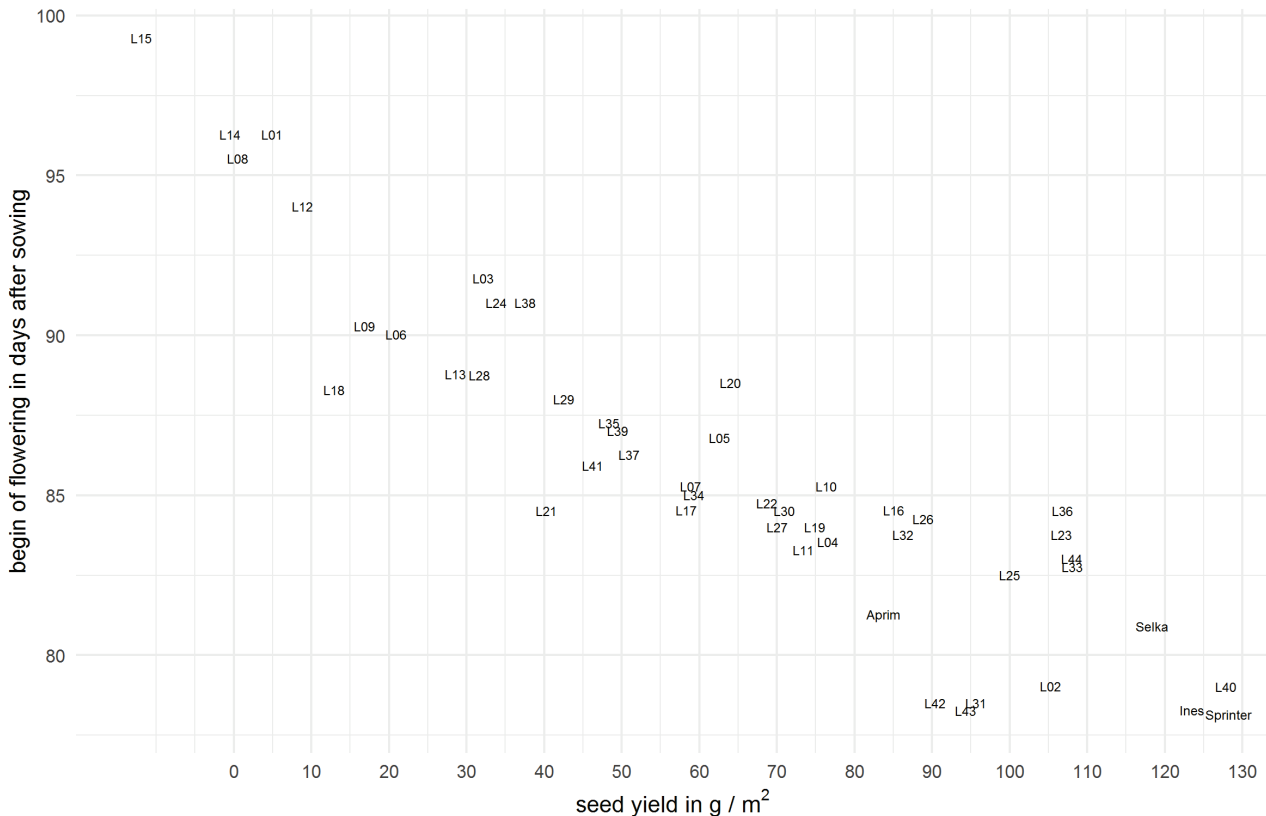


Abb. 22: BLUEs für den Ertrag (x-Achse) und den Blühbeginn (B10, y-Achse) von 44 Linien und vier Standards, geprüft in 2020 mit vier Wiederholungen. Die Linien L01 bis L18 und die Linien L19 bis L44 standen jeweils in getrennten, aber benachbarten Teilversuchen. Die Standards waren in beiden Teilversuchen vertreten.

1.1.5. Evaluierung des Konzeptes 'Synthetische Sorte' für die Kümmelzüchtung (AP 9-10)

In diesem Projekt haben wir drei Schritte der Züchtungsmethode 'Synthetische Züchtung' für Kümmel durchgeführt. Eine Skizze zum geplanten Konzept ist in Abbildung 23 dargestellt. Der erste Schritt war die Linienentwicklung, die bereits Ende der neunziger Jahre im Vorgängerinstitut des JKI begann. Im Jahr 2017 waren Inzuchtlinien der 4. Inzuchtgeneration verfügbar. Mit einer weiteren Selbstung haben wir Linien der 5. Inzuchtgeneration erzeugt und selektiert. Obwohl die Homozygotie in diesen Inzuchtgenerationen nicht vollständig ist, halten wir diese Linien für geeignet, um Heterosis und Inzuchtdepression bei Kümmel zu untersuchen. Normalerweise würden wir die Linienentwicklung mit einer Vorselektion auf gute Eigenleistung beenden. Da die Zeit begrenzt war, war die Vorselektion auf eine Selektion basierend auf Einzelpflanzen Daten reduziert. Offensichtlich hat diese Selektion Linien mit sehr geringem Ertrag nicht erfolgreich entfernt. Solche Linien können nicht ernsthaft Teil der letzten Züchtungsschritte sein, aber als ein Vorteil konnten wir in dieser Studie Heterosis über einen breiten Wertebereich der Eigenleistung analysieren. Der zweite Schritt war der Polycross zur Herstellung von F₁-Saatgut für GCA-Tests. Innerhalb des Polycross untersuchten wir erstmals die Auskreuzungsrate bei Kümmel und fanden eine Auskreuzungsrate von 51.6 % bis 82 % über sieben Genotypen bei einem Mittelwert von 66.5 % (von Maydell et al. 2020). Der dritte Schritt war der GCA-Test, in dem wir starke Inzuchtdepression und Heterosis im Sinne der 'better parent heterosis' feststellen konnten.

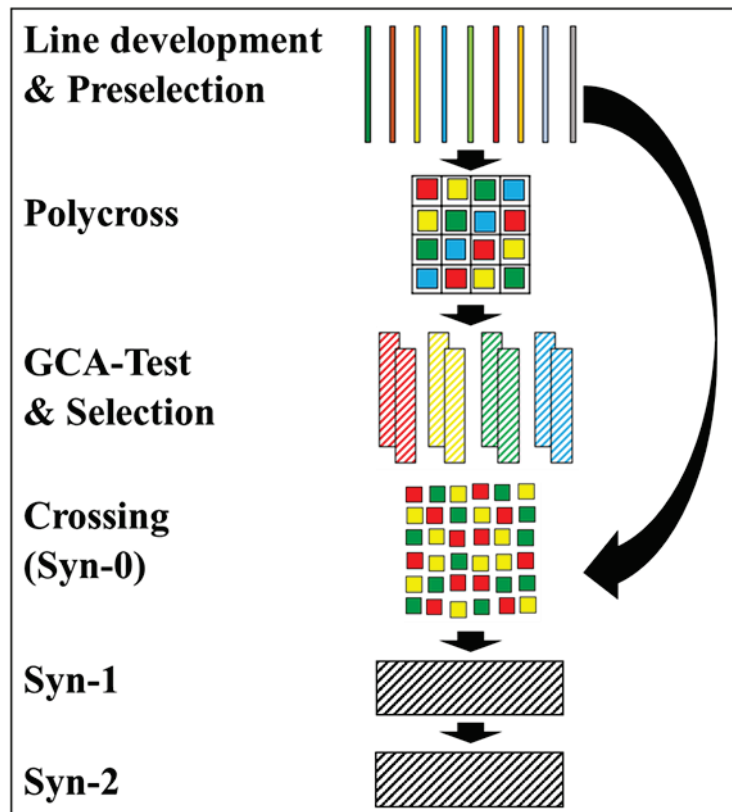


Abb. 23: Skizze zum geplanten Konzept zur Entwicklung synthetischer Sorten bei Kümmel. Verändert nach Becker (2011).

Es kann also empfohlen werden, eine Züchtungsmethode zu verwenden, durch die Heterosis genutzt werden kann. Infrage kommen hier die Hybridzüchtung und die Populationszüchtung mit jeweils verschiedenen Sub-Methoden. Für die Implementierung einer Hybridzüchtung fehlt bei Kümmel ein effizientes System zur Bestäubungslenkung (bspw. cytoplasmatische männliche Sterilität, CMS). Bei der Populationszüchtung kommen vielfältige Methoden infrage, die Züchtung synthetischer Sorten ist aber die einzige Methode bei der Heterosis annähernd gezielt genutzt werden kann.

Vor einer abschließenden Beurteilung der Züchtungsmethode sind aber noch einige Fragestellungen zu beantworten. Mittelfristig bleibt zunächst nachzuweisen, dass die Kombination der besten JKI-Linien zu einer synthetischen Population, die aktuellen Populationssorten deutlich im Ertrag übertreffen kann. Zudem bleibt zu untersuchen, welche Syn-Generation für den Anbau verwendet werden sollte. Die unvollständige Auskreuzung im Polycross lässt vermuten, dass die maximal mögliche Heterosis in der Syn₁ noch nicht ausgeschöpft werden konnte. Da eine ausreichende Saatgutproduktion für die Syn₁ ohnehin schwierig ist, weil dann auch die Komponenten in großem Umfang vermehrt werden müssten, könnte die Nutzung der Syn₂ oder sogar späterer Generationen empfehlenswert sein. Es ist denkbar, dass eine synthetische Population über mehrere Jahre nachgebaut werden kann, ohne dass eine Neu-Synthese aus den Komponenten nötig ist. Hier sollte die Züchtung weiterhin wissenschaftlich begleitet werden. Nach dem Ertrag sind auch Steigerungen im Ätherischölgehalt wahrscheinlich, wenn viele der kombinierten Linien einen erhöhten Ätherischölgehalt aufweisen. Solche Linien sind vorhanden. Ein Heterosiseffekt ist aber für ein Qualitätsmerkmal nicht zu erwarten. Dies zeigen auch die vorliegenden Daten.

1.2. Selektion für den winterannualen Anbau

1.2.1. Leistungsprüfung 2018/2019 (AP 1.2)

Material und Methoden Teil 1

Vor Projektbeginn wurden Genotypen mit erhöhter Winterhärte bei der Dr. Junghanns GmbH ausgelesen. Dieses Material und weitere Standards sollten direkt genutzt werden, um das Ertragspotential einer Herbstsaat mit dem Ertragspotential einer Frühlingsaat zu vergleichen. Zudem sollte die Winterhärte des Materials im Vergleich zu sommerannualen Sorten/Selektionen ('Sprinter', 'Ines', 'Selka'), zu der einzigen aktuellen winterannualen Sorte 'Aprim' und zu zweijährigen Sorten ('Rekord' und 'Konczewicki') untersucht

werden. Ende August 2018 wurde ein Versuch in Parzellen mit 12 m² Größe mit 10 Prüfgliedern und vier Wiederholungen in einer randomisierten vollständigen Blockanlage angelegt (Abbildung 24). Die Bestandsdichte wurde im Dezember 2018 und erneut Ende Februar 2019 ausgezählt (Abbildung 25). Eine Zählung Ende März ergab nur geringfügige Änderungen, die nicht mehr zwingend auf Frosteinwirkung zurückzuführen waren.



Abb, 24: Leistungsprüfung für den winterannualen Anbau. Foto im November 2018.



Abb. 25: Leistungsprüfung für den winterannualen Anbau. Foto Ende Februar 2019 zur Auszählung der Bestandsdichte nach dem Winter.

Ergebnisse und Diskussion Teil 1

Die Winter-Überlebensrate in Abbildung 26 zeigt somit den Anteil der bei der Nachwinterzählung Ende Februar noch vorhandenen Pflanzen (Werte über 100 % können vorkommen, da gerade bei den klein und rosettenförmig wachsenden Zweijährigen die Zählung bei dichter Aussaat schwieriger ist). Es zeigte sich deutlich, dass die zweijährigen Prüfglieder 'Rekord' und 'Konczewicki' vollständig winterhart waren und 'Aprim' eine hohe aber nicht vollständige Winterhärte aufwies. Die Winterhärte der einjährigen Standards 'Ines', 'Sprinter' und 'Selka' ging gegen Null. Alle Selektionen der Dr. Junghanns GmbH zeigten eine erhöhte aber für einen Ertragstest unzureichende Winterhärte.

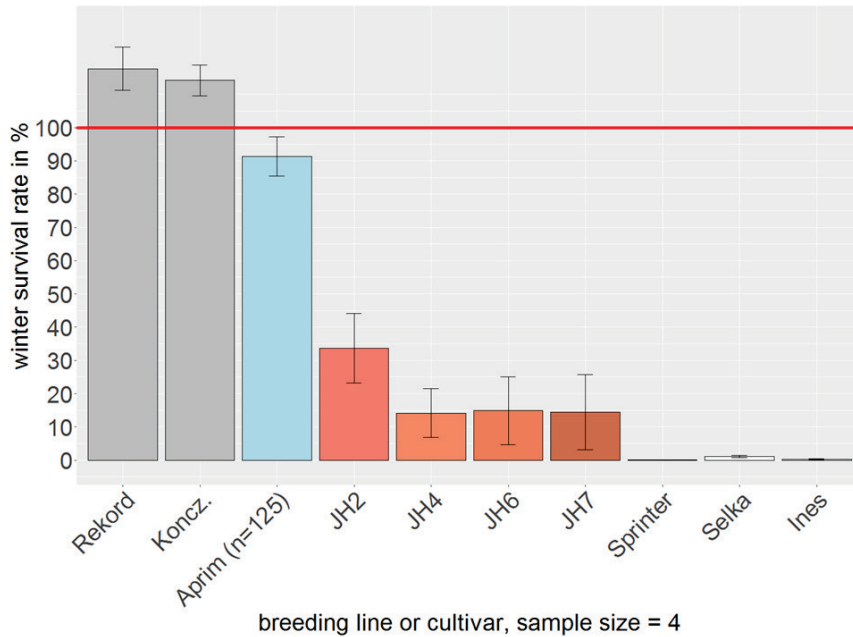


Abb. 26: Winterüberlebensrate von 10 Genotypen mit vier Wiederholungen nach dem Winter 2018/2019. Rote Linie = Selektionsziel. Fehlerbalken = Standardfehler.

Material und Methoden Teil 2

Daher wurde die Leistungsprüfung abgebrochen und der Versuch stattdessen zur Saatgutgewinnung genutzt. Saatgut wurde mittels Isolation durch Eintüten von Einzelpflanzen erzeugt (Abbildung 27). Dafür wurden ausschließlich Einzelpflanzen der Linien aus den Wiederholungen a und c verwendet, da hier von einem stärkeren Selektionsdruck durch windexponierterer Lage auszugehen ist. Isoliert wurden auch Einzelpflanzen der Sorte 'Aprim', um festzustellen, ob in der vermutlichen Populationssorte Variabilität hinsichtlich des Ätherischölgehalts vorliegt. Isoliert wurde jeweils nur der Haupttrieb jeder Einzelpflanze, sodass das Erntegut der frei abgeblühten Dolden für eine Bestimmung des Ätherischölgehalts genutzt werden konnte. Der Ätherischölgehalt wurde mittels Nahinfrarotspektroskopie vorhergesagt.



Abb. 27: Leistungsprüfung für den winterannualen Anbau, abgeändert zu einer Saatgutgewinnung zur Selektion auf Winterhärte. Foto Ende Juli 2019.

Ergebnisse und Diskussion Teil 2

Die Selektionen der Dr. Junghanns GmbH zeigten im Durchschnitt einen Gehalt um 5 ml/100g, während 'Aprim' den Mindestgehalt von 3 ml/100g im Mittel deutlich verfehlte (Abbildung 28). Allerdings gab es wenige Ausreißer über 3 ml/100g, die selektiert wurden, um zu prüfen, ob der Ätherischölgehalt innerhalb von 'Aprim' erhöht werden kann. Auch die besten Einzelpflanzen der Selektionen der Dr. Junghanns GmbH wurden für einen erneuten Winterhärte test selektiert. Die Winterüberlebensrate dieser Selektionen im Folgewinter 2019/2020 ist im nächsten Abschnitt dargestellt.

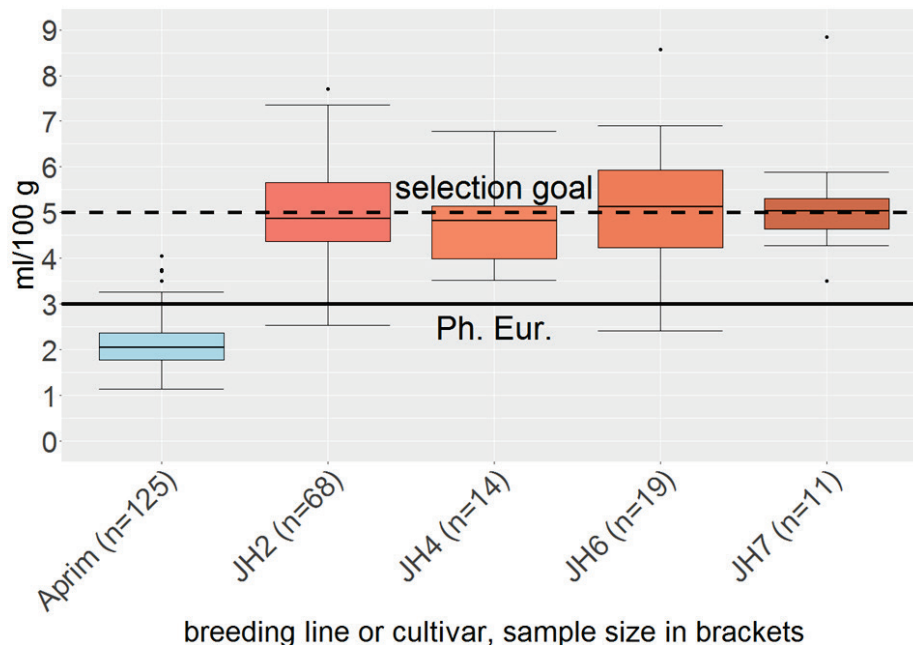


Abb. 28: Ätherischölgehalt für 5 Genotypen mit unterschiedlicher Anzahl (n) an Einzelpflanzen. Werte sind Vorhersagewerte nach NIRS, korrigiert für die gemäß linearer Regression zu erwartenden Werte bei Destillation.

1.2.2. Winterhärte test 2019/2020 (AP 1.2)

Material und Methoden

Nachdem in der Leistungsprüfung (s. o.) festgestellt wurde, dass kein Zuchtmaterial mit ausreichend hoher Winterhärte und gleichzeitig gutem Ätherischölgehalt vorliegt bzw. nicht bekannt ist, sollte eine Evaluierung eines breit aufgestellten Sets an Genotypen auf Winterhärte stattfinden. Für den Winter 2019/2020 wurde die Winterüberlebensrate von insgesamt 60 Prüfgliedern bewertet. Hierbei wurden erstmals alle I₅-Inzuchtlinien des JKI untersucht. Des Weiteren wurden auch Genbankakzessionen und die meisten einjährigen Sorten geprüft, um einen generellen Überblick über die Winterhärte des einjährigen Genpools zu gewinnen. Zudem standen im Versuch die Selektionen aus 2018/2019. Der Versuch war als randomisierte vollständige Blockanlage mit vier Wiederholungen angelegt. Pro Wiederholung und Genotyp wurde eine 2 m lange Reihe mit ca. 70 keimfähigen Samen ausgedrillt. Die Keimfähigkeit wurde aus Vorversuchen abgeschätzt. Eine Zählung der Pflanzenzahl je Reihe erfolgte Ende Oktober 2019 und Anfang April 2020. Bei Genotypen mit einer Winterüberlebensrate von ca. 50 % wurden Einzelpflanzen zur Saatgutgewinnung mit Tüten isoliert. Jeweils nur der Haupttrieb jeder Einzelpflanze wurde isoliert, sodass das Erntegut der frei abgeblühten Dolden für eine Bestimmung des Ätherischölgehalts genutzt werden konnte. Der Ätherischölgehalt wurde mittels Nahinfrarotspektroskopie vorhergesagt und korrigiert für die gemäß linearer Regression zu erwartenden Werte bei Destillation. Zusätzlich zu der Bewertung von Einzelpflanzen wurden aus jeder Reihe Mischproben gezogen.



Abb. 29: Winterhärte test und Selektion auf Winterhärte Winter 2019/2020. Foto Mai 2020.

Ergebnisse und Diskussion

Der Winter 2019/2020 war eher mild, erst bei Nachtfrösten unter $-5\text{ }^{\circ}\text{C}$ im März starben einige Prüfglieder vollständig ab. Diese Nachtfröste ermöglichten somit eine gewisse Selektion auf Winterhärte 2019/2020. Die Winterüberlebensrate der 60 untersuchten Genotypen ist in Abbildung 30 dargestellt. 'Aprim' sowie Selektionen aus und verwandte Akzessionen von 'Aprim' verzeichneten eine Winterüberlebensrate bis über 90 %. Auch einige Inzuchtlinien des JKIs sowie Selektionen der Dr. Junghanns GmbH wiesen Winterüberlebensraten von 50 bis über 80 % auf. Einjährige Sorten und Genbankakzessionen dagegen hatten sehr geringe Winterüberlebensraten. Wir führen die höheren Winterüberlebensraten des Zuchtmaterials auf die Einkreuzung zweijährigen Materials zum Beginn der Linienentwicklung in den 1990er Jahren zurück. Offen bleibt, ob im inzuchtarten, d. h. genetisch weitgehend fixierten Zuchtmaterial, noch auf höhere Winterhärte selektiert werden kann und ob die Inzuchtlinien auch noch in härteren Wintern überlebensfähig sind. Tests und Selektionen über weitere Jahre sind zu empfehlen.

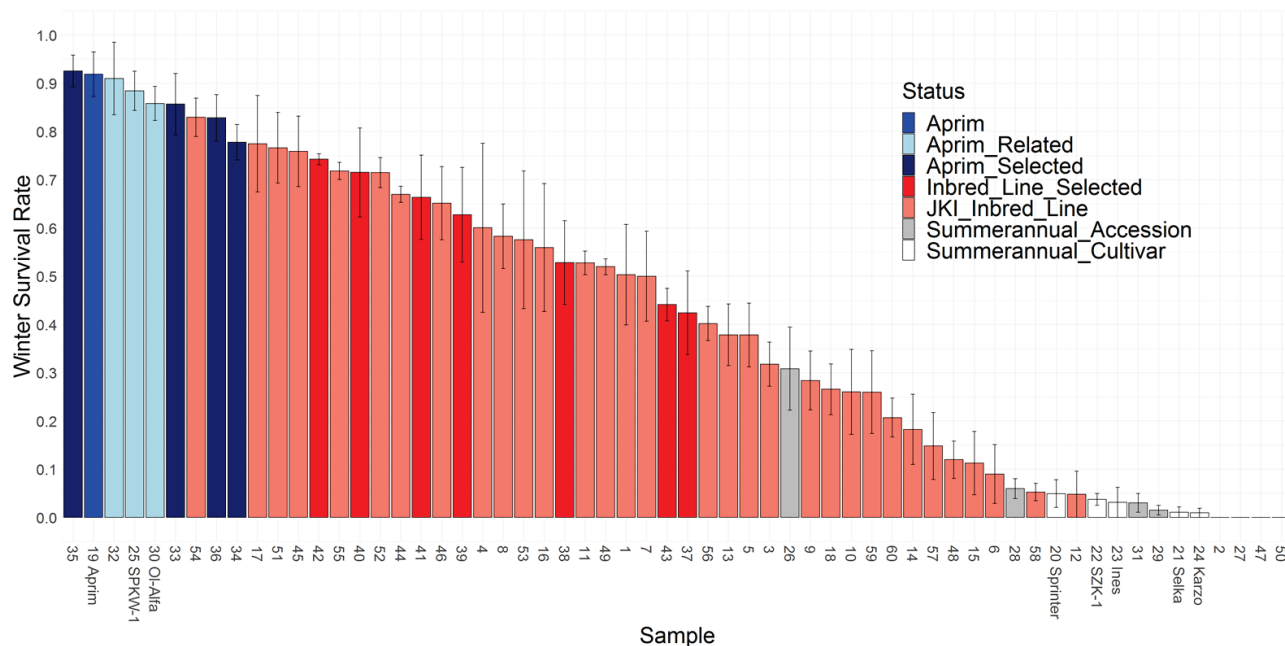


Abb. 30: Winterüberlebensrate von 60 Genotypen nach dem Winter 2019/2020. Fehlerbalken = Standardfehler.

Bei der Analyse des Ätherischölgehalts zeigte der winterannuelle 'Aprim'-Genpool erneut einen deutlich geringeren Gehalt als das sommerannuelle Zuchtmaterial (Abbildung 31). Eine Selektion des Ätherischölgehalts innerhalb von 'Aprim' zeigte in beide Richtungen einen leichten Erfolg. Es bleibt

abzuwarten, ob über weitere Selektionen eine weitere Erhöhung des Ätherischölgehalts möglich ist. Beim sommerannuellen Zuchtmaterial dagegen wäre der Ätherischölgehalt schon zufriedenstellend. Hier ist die unvollständige Winterhärte problematisch.

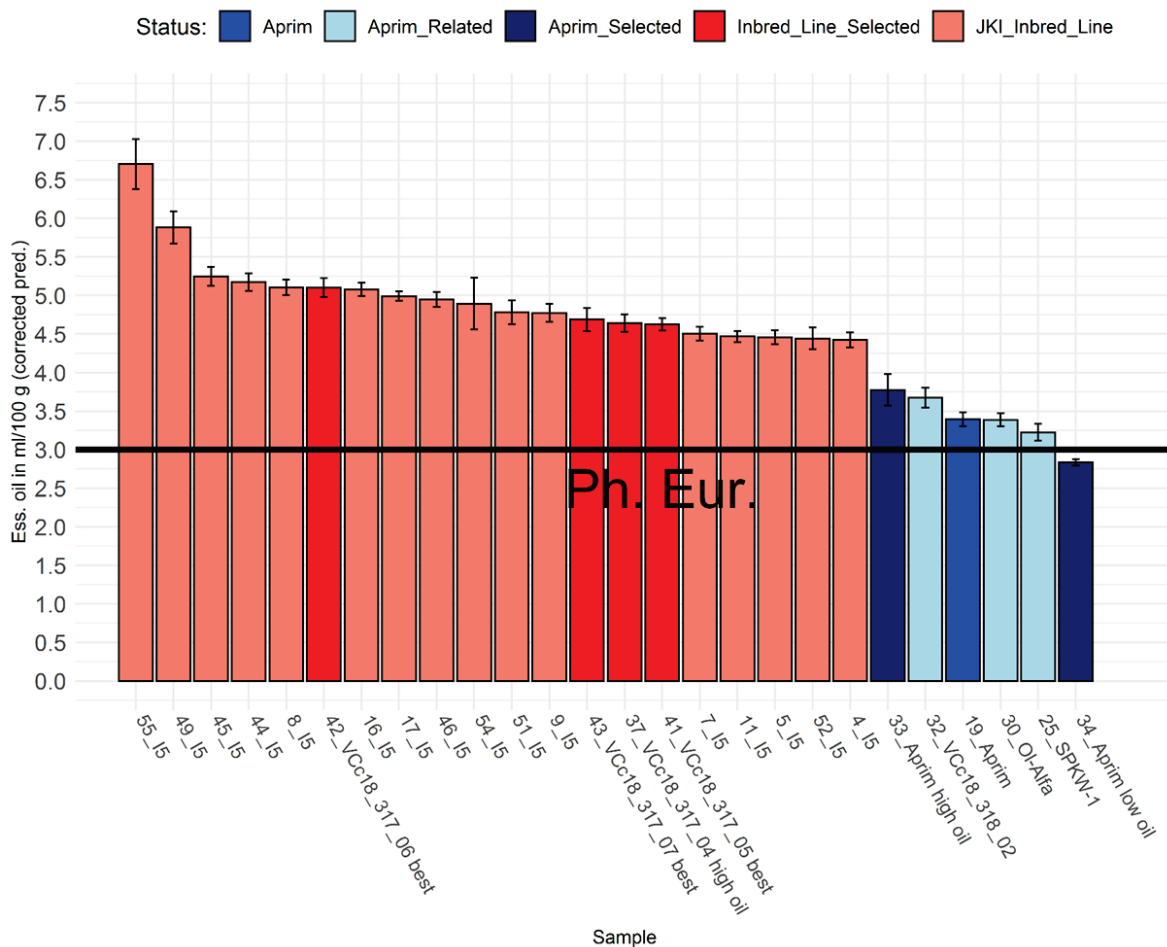


Abb. 31: Ätherischölgehalt von 26 selektierten Genotypen mit ausreichender Winterhärte 2020, geprüft in vier Wiederholungen je Genotyp. Werte basieren auf Mischproben (eine Probe je Wiederholung und Genotyp). Werte sind Vorhersagewerte nach NIRS korrigiert für die gemäß linearer Regression zu erwartenden Werte bei Destillation. Fehlerbalken = Standardfehler.

1.2.3. Neu-Kombinationen (AP 11)

Da unklar ist, ob aus dem vorhandenen Material Genotypen mit guter Winterhärte und gutem Ätherischölgehalt selektiert werden können, könnten Neukombinationen der vielversprechendste Weg zur Entwicklung von Zuchtmaterial für den winterannuellen Anbau sein. Hierbei sollte die gute Winterhärte des 'Aprim'-Genpools mit dem hohen Ätherischölgehalt vieler sommerannueller JKI-Linien kombiniert werden. Daher wurde 2019 damit begonnen diverse JKI-Linien (maternale Eltern) mit 'Aprim' (paternaler Elter) zu kreuzen. Für die meisten Kreuzungen konnte ein Kreuzungsnachweis durch PACE-Marker durchgeführt werden. 2020 wurde die spaltende F₂-Generation der Kreuzungsnachkommen erzeugt. Zum Projektende lagen 12 F₂-Populationen vor, die nun auf Winterhärte und höheren Ätherischölgehalt getestet und selektiert werden können. Einige nach der Leistungsprüfung 2020 als wertvoll eingestufte Linien sind noch nicht als Eltern vertreten. Daher empfehlen wir weitere Kreuzungen durchzuführen.

1.3. Analyse der genetischen und phänotypischen Diversität von ein- und zweijährigem Material

1.3.1. Genetische Diversität und Populationsstrukturen

Material und Methoden

Ein Sortiment aus 137 Genbank-Akzessionen, Sorten, Inzuchtlinien und verschiedenem Zuchtmaterial wurde zusammengestellt. Das Material stammt ursprünglich aus verschiedenen Ländern Europas und teils auch aus

Nordamerika, Nordafrika und Asien und beinhaltet auch einige Wildsammlungen. Es enthält sowohl einjährige als auch zweijährige Blühtypen. Zur molekulargenetischen Analyse dieses Materials wurde ein Genotyping by Sequencing (GBS) durchgeführt. Die Verarbeitung der GBS-Daten ergab final ein Set von 13,155 SNP-Markern, auf dem weitere Analysen beruhen. Dazu gehörte vor allem die Analyse der Populationsstrukturen durch eine Hauptkoordinatenanalyse (PCoA), durch ein Bayesisches Clustering, phylogenetische Stammbäume und Netzstrukturen. Zudem wurde die erklärte genetische Variation zwischen Subpopulationen mittels AMOVA berechnet. Als weitere Kennzahlen der genetischen Diversität wurden die beobachtete und erwartete Heterozygotie innerhalb von Subpopulationen oder bestimmten Untergruppen berechnet. Für 35 ausgewählte Akzessionen wurde des Weiteren die Genomgröße durch Durchflusszytometrie bestimmt. Die Methoden sind genauer bei von Maydell et al. (2021) beschrieben.

Ergebnisse und Diskussion

Genomgröße:

Die gemessene Genomgröße war im Mittel 4.282 pg/2C (± 0.0096 S.E.). Wir konnten keine signifikanten Unterschiede zwischen ein- und zweijährigen Akzessionen feststellen (Abbildung 32). Wir vermuten, dass die von Das (1991) mittels Feulgen Zytophotometrie gemessene Genomgröße von 9.526 pg/2C fehlerhaft war. Diese Annahme wird von Beobachtungen von Greilhuber (2005) gestützt, nach denen die Feulgen Zytophotometrie häufig zu einer deutlichen Überschätzung der Genomgröße führte.

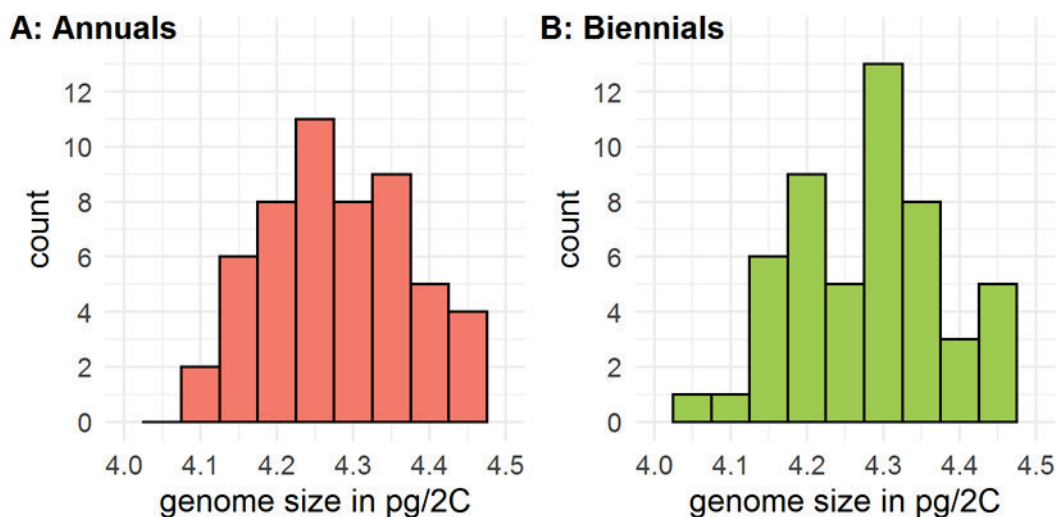


Abb. 32: Geschätzte Genomgröße (in pg/2C) von Kümmel basierend auf durchflusszytometrischer Analyse von 35 Akzessionen.

Populationsstrukturen und Genetische Diversität:

Alle durchgeführten Analysen deuten darauf hin, dass die 137 Akzessionen in zwei Subpopulationen aufgeteilt werden können. Wie Abbildungen 33-36 veranschaulichen, ist diese Aufteilung nahezu kongruent mit dem Blühtyp, d. h. es gibt eine Subpopulation von einjährigen Blühtypen und eine Subpopulation von zweijährigen Blühtypen. Eine Ausnahme bilden vier einjährige Akzessionen um die Sorte 'Aprim', die eher zur zweijährigen Subpopulation gehören. Wahrscheinlich wurde hier einjähriges Material mehrfach mit zweijährigem Material zurückgekreuzt. Darauf ist vermutlich auch die bereits beschriebene gute Winterhärte von 'Aprim' zurückzuführen. Das Bayesische Clustering ergab zudem, dass das Set auch in sechs Subpopulationen aufgeteilt werden könnte. Bei genauerer Begutachtung ergaben sich dabei Untergruppen innerhalb der Blühtypen, aber auch eine größere Zwischengruppe. Weitere interessante Beobachtungen waren, dass alle einjährigen Akzessionen, die nicht aus deutschen Zuchtprogrammen stammen, einer einzigen Untergruppe zugeordnet werden konnten. Das JKI-Zuchtmaterial zeichnete sich im Vergleich zu den vorhandenen einjährigen Sorten durch eine erhöhte genetische Diversität aus (Abbildung 37). Des Weiteren akkumulierten sich die meisten zweijährigen Sorten in einer Untergruppe. Für eine detaillierte Darstellung und Diskussion der Ergebnisse möchten wir erneut auf von Maydell et al. (2021) verweisen.

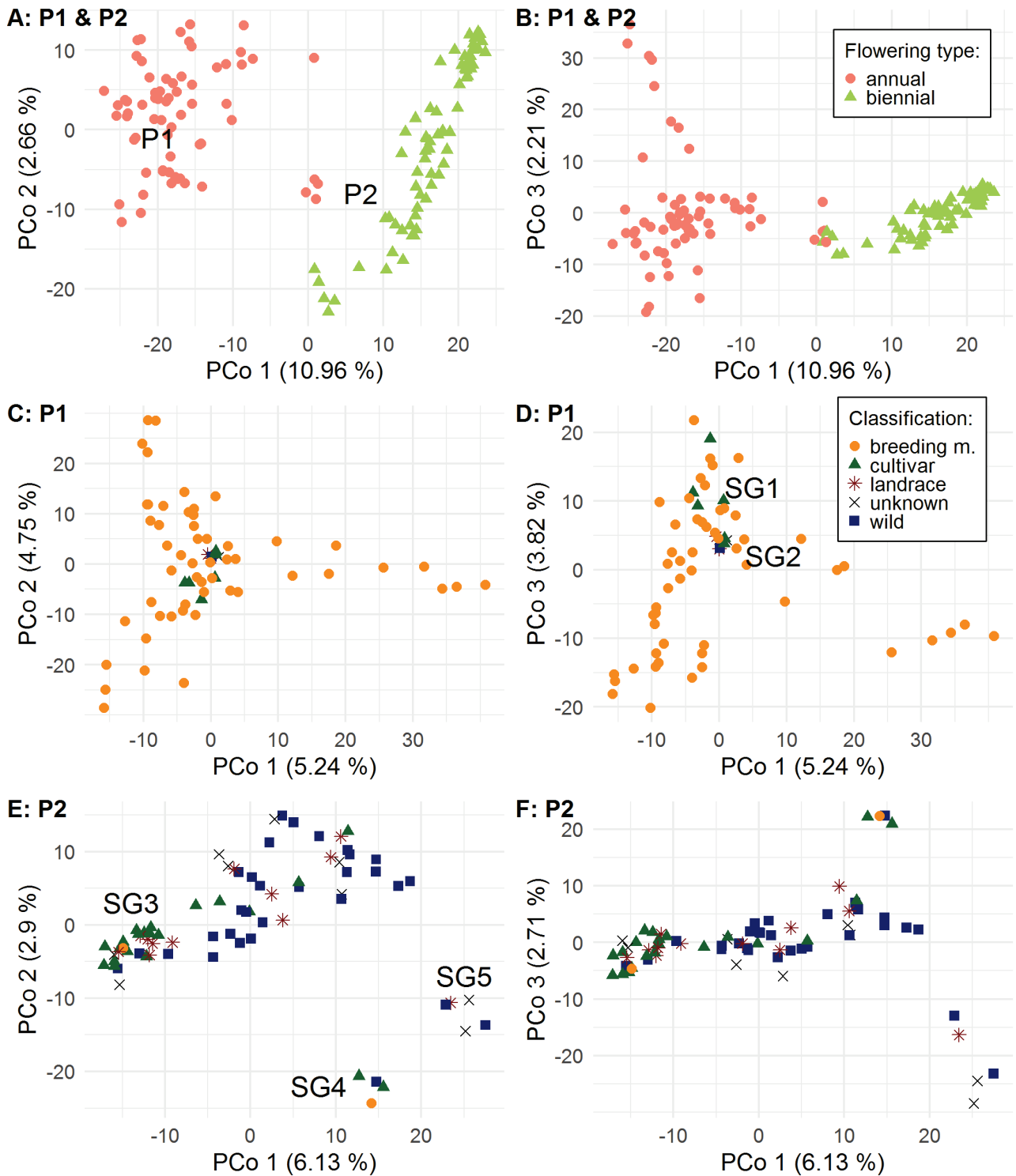


Abb. 33: Hauptkoordinatenanalysen (PCoA) für 137 Kümmelakzessionen basierend auf 13,155 SNP-Loci unter Verwendung der Software Darwin. (A) und (B) veranschaulichen die PCoA für beide Subpopulationen. (C) und (D) veranschaulichen die PCoA für die Subpopulation P1, die alle einjährigen Blühtypen außer SG4 enthält. (E) und (F) veranschaulichen die PCoA für die Subpopulation P2, die alle zweijährigen Blühtypen und SG4 enthält.

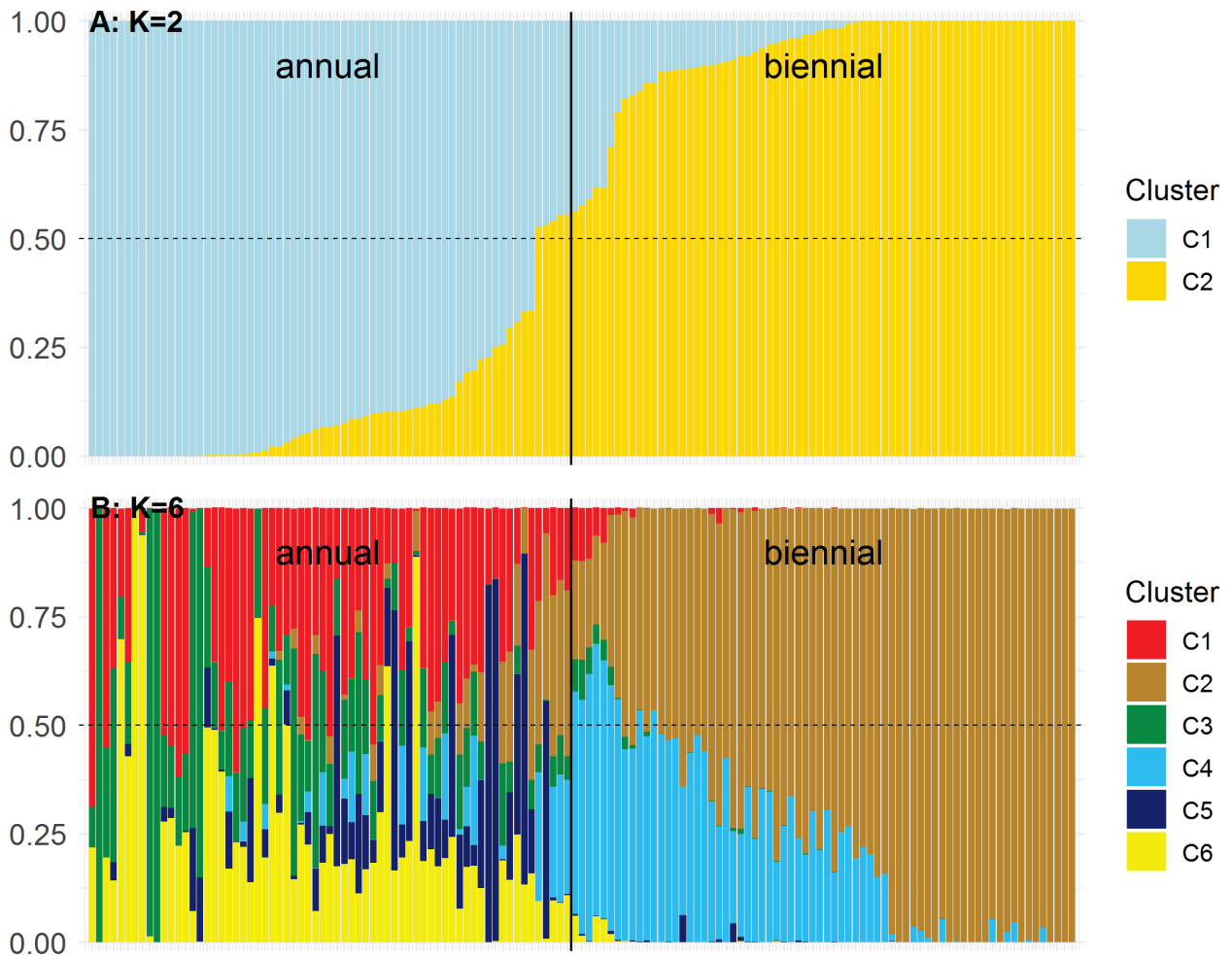


Abb. 34: Geschätzte 'membership'-Koeffizienten von 137 Kümmelakzessionen basierend auf 13,155 SNP-Loci unter Verwendung der STRUCTURE-Software. Für (A) $K = 2$ und (B) $K = 6$. Die gestrichelte Linie zeigt den Schwellenwert von 0.5 an.

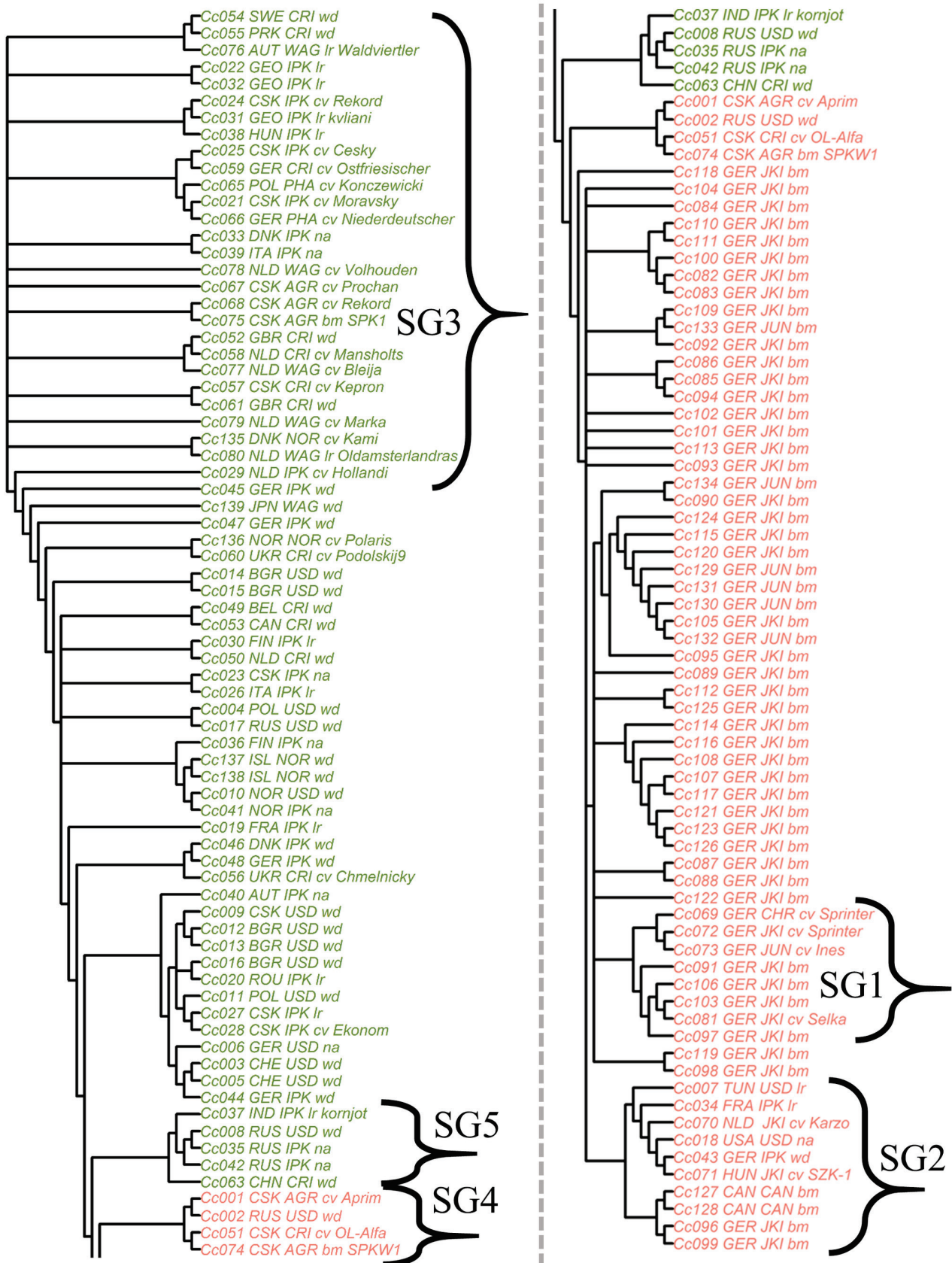


Abb. 35: 'Neighbor-Joining-Tree' für 137 Kümmelakzessionen basierend auf 13,155 SNP-Loci, erstellt unter Verwendung des BIONJ-Algorithmus und einer euklidischen Distanzmatrix. Knoten, die beim Bootstrapping < 30 % unterstützt wurden, wurden in Multifurkationen aufgelöst. Grün = zweijährige Blühtypen, Rot = einjährige

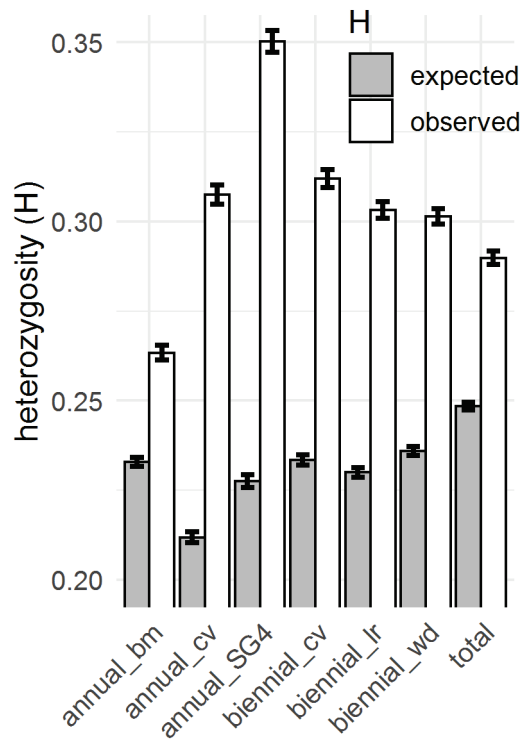


Abb. 37: Beobachtete (H_o) und erwartete Heterozygotie (H_e), gemessen über 13,155 SNP-Loci für verschiedene Untergruppen von Kümmelakzessionen. Untergruppen: 1. Einjähriges Zuchtmaterial, $n = 53$. 2. Einjährige Sorten, $n = 6$. 3. Einjährige Untergruppe SG4, $n = 4$. 4. Zweijährige Sorten, $n = 19$. 5. Zweijährige Landrassen, $n = 12$. 6. Zweijähriges Wildmaterial, $n = 29$. 7. Alle 137 Akzessionen einschließlich nicht klassifizierter Akzessionen. Fehlerbalken = Standardfehler.

1.3.2. Phänotypische Diversität

Eine weitgehende Phänotypisierung der Genbankakzessionen war ursprünglich nicht ausdrücklich im Projekt vorgesehen. Im Hinblick auf die Verwertung der Sequenz-Daten wurde die Erhebung phänotypischer Daten aber als äußerst wertvoll erachtet. Daher erfolgte in den Jahren 2018 bis 2020 eine Phänotypisierung des beschriebenen Sets von Akzessionen, wobei jeweils zweijährige Daten für Ein- und Zweijährige erhoben wurden. Die Auswertung der Phänotyp-Daten konnte im Projekt nicht abgeschlossen werden, weil hierfür ursprünglich keine zeitlichen Ressourcen vorgesehen waren. Eine Verlängerung der Projektphase ermöglichte allerdings eine vorläufige Auswertung. Die weitere Auswertung der wertvollen Daten wird in einer zweiten Projektphase erfolgen.

Material und Methoden

Das oben beschriebene Set von Akzessionen wurde in zwei Teilblöcke aufgeteilt, die jeweils einjährige und zweijährige Akzessionen enthielten. 2018 erfolgte die Zuordnung zu einem Teilblock anhand von Vorkenntnissen und Passport-Daten. Einjährige und zweijährige Pflanzen wurden in benachbarten Freilandversuchen gepflanzt, beide in einem randomisierten vollständigen Blockdesign in den Jahren 2018 und 2019 (Abbildung 38). Die Pflanzen wurden im Gewächshaus vorgezogen und im Mai im frühen Blattstadium gepflanzt. Bei mehreren Genotypen waren die Saatgutverfügbarkeit und die Keimungsrate gering. Folglich variierte die Anzahl der Replikationen pro Genotyp und im Jahr 2019 waren einige Änderungen an den Versuchsparametern erforderlich. 2018 wurden 25 Pflanzen pro Genotyp und Wiederholung in einer Parzelle mit einem Abstand von 10 cm zwischen den Pflanzen und von 50 cm zwischen den Parzellen gepflanzt. Bis zu drei Wiederholungen pro Genotyp wurden gepflanzt. 2019 wurde die Anzahl der Pflanzen pro Genotyp und Wiederholung auf sechs reduziert. Der Pflanzenabstand wurde auf 20 cm erhöht. Bis zu vier Wiederholungen pro Genotyp wurden gepflanzt. Der vergrößerte Abstand im Jahr 2019 ermöglichte eine Einzelpflanzenanalyse für alle untersuchten Merkmale, während für 2018 ausgesäte Genotypen eine Einzelpflanzenanalyse nur für den Beginn der Blüte und die Höhe möglich war. Andere Merkmale wurden pro Parzelle analysiert. Der Ätherischölgehalt sowie Carvon- und Limonengehalt wurden mittels NIRS gemessen. Die unten dargestellten Werte sind noch nicht korrigiert, d. h. bei Destillation wären deutlich niedrigere Werte

zu erwarten als dargestellt. Für eine exakte Darstellung der Methoden wird eine Publikation im Zeitrahmen einer zweiten Projektphase angestrebt.



Abb. 38: Feldversuch am JKI-Standort Quedlinburg im Juni 2019. Vordergrund: zweijährige Akzessionen im Blattstadium. Hintergrund: Einjährige Akzessionen im Blühstadium.

Ergebnisse und Diskussion

Einen Überblick über die Phänotypdaten ermöglichen Tabelle 7 und Abbildungen 39 und 40. Durch die Verbindung des 'Neighbor-Joining-Tree' mit den Schätzwerten (BLUEs) werden mehrere genetische Assoziationen mit bestimmten Merkmalsausprägungen deutlich. Beispielsweise fanden wir in der einjährigen Subpopulation zwei Untergruppen mit einem Ätherischölgehalt, nämlich in der winter-annualen Untergruppe SG4 und in der Untergruppe SG2. Umgekehrt wiesen die meisten JKI-Zuchtlinien einen höheren Gehalt an ätherischen Ölen auf. Innerhalb der zweijährigen Subpopulation wurden keine auffälligen Cluster im Zusammenhang mit dem Gehalt an ätherischen Ölen gefunden. Hier fanden wir dagegen beispielsweise eine Untergruppe mit sehr festem Kornsit. Insgesamt kann der generierte Datensatz ein hilfreiches Instrument zur Auswahl von genetischen Ressourcen für weitere Zuchtprogramme sein.

Tab. 7: Zusammenfassung der Daten für alle untersuchten quantitativen Merkmale basierend auf BLUEs von 64 einjährigen bzw. 68 zweijährigen Akzessionen. Mean = arithmetisches Mittel, SD = Standardabweichung, CV = Varianzkoeffizient, Min = Minimum, Max = Maximum. Merkmalsabkürzungen und -einheiten in Tabelle 3 (BOF = B50, CRV = Carvongehalt in ml/100 g, LIM = Limonengehalt in ml/100 g).

Traits	Annuals					Biennials				
	Mean	SD	CV	Min	Max	Mean	SD	CV	Min	Max
BOF	78.25	6.64	0.08	68.49	96.04	391.96	6.66	0.02	382.08	420.86
EOF	119.56	6.30	0.05	107.58	135.19	436.64	7.05	0.02	415.48	470.39
HGT	53.11	7.71	0.15	35.58	71.28	54.49	7.44	0.14	37.21	69.96
MAT	149.65	6.29	0.04	138.02	165.35	458.85	6.92	0.02	446.02	479.45
SHT	87.79	10.52	0.12	41.70	99.49	85.96	21.22	0.25	26.03	100.10
TGW	2.41	0.40	0.16	1.76	3.52	2.24	0.39	0.18	1.58	3.08
STA	17.47	11.29	0.65	2.31	51.52	9.07	11.77	1.30	-1.65	39.40
CRV	2.83	0.56	0.20	1.94	4.59	2.15	0.32	0.15	1.38	2.87
LIM	3.49	0.76	0.22	2.23	5.59	3.25	0.44	0.14	2.45	4.47
OIL	6.32	1.30	0.21	4.23	10.17	5.40	0.72	0.13	3.90	7.34

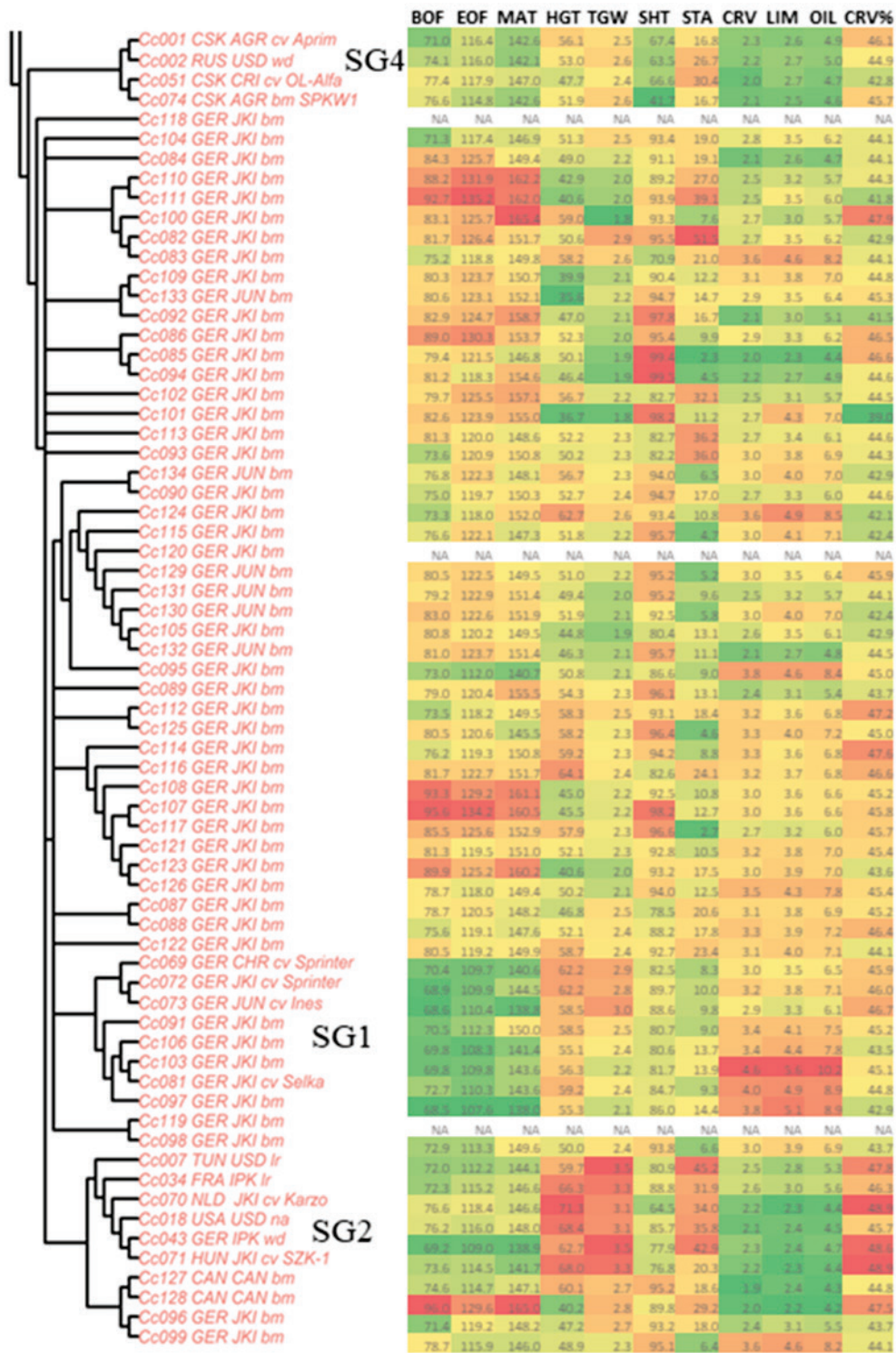


Abb. 39: 'Neighbor-Joining-Tree' für 67 einjährige Akzessionen basierend auf 13,155 SNP-Markern kombiniert mit BLUEs untersuchter quantitativer Merkmale. Farbskala von dunkelgrün (= niedrigste Werte) bis dunkelrot (höchste Werte). Merkmalsabkürzungen und -einheiten in Tabelle 3 (BOF = B50, CRV = Carvongehalt in ml/100 g, LIM = Limonengehalt in ml/100 g, CRV % = Anteil Carvon am ätherischen Öl).

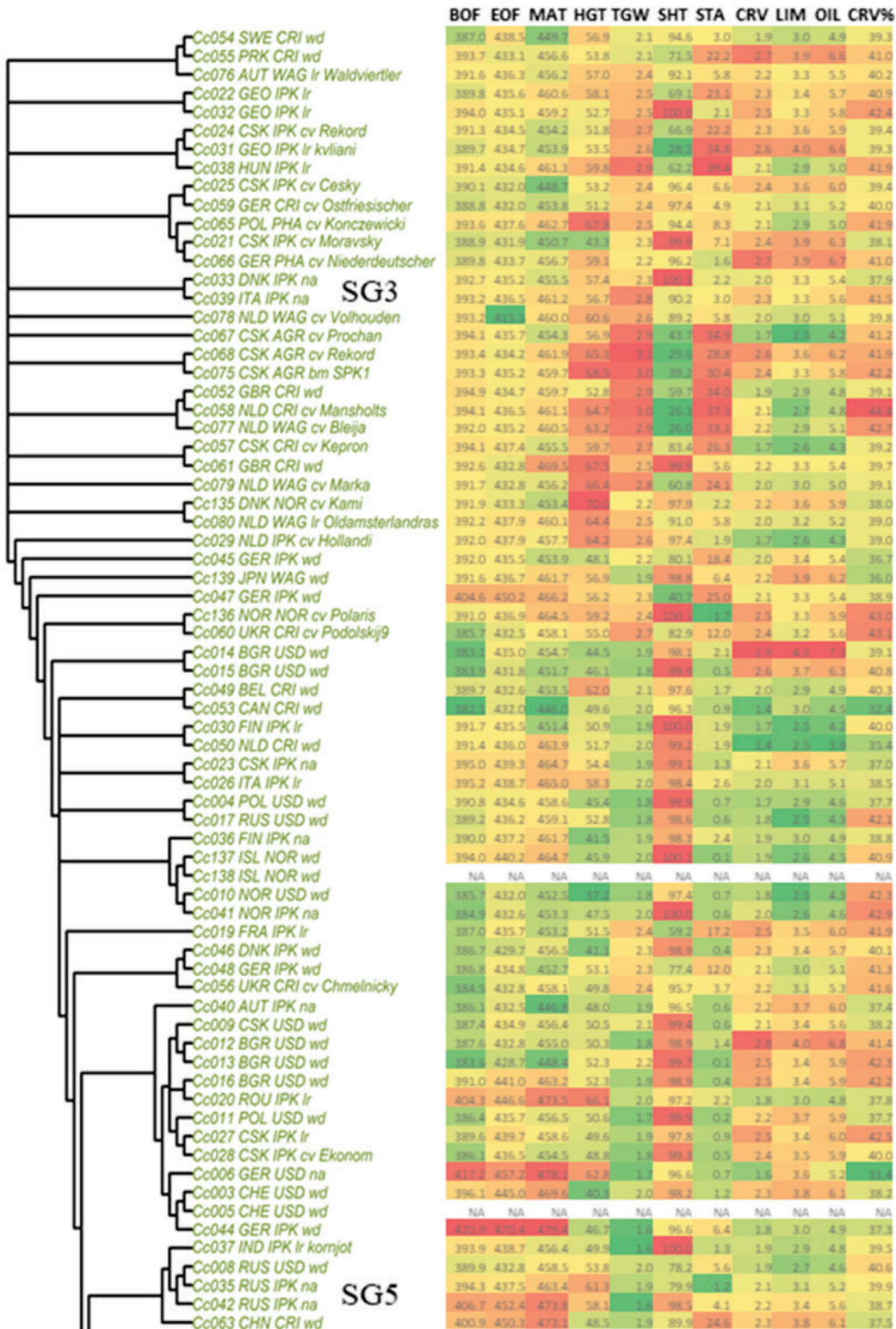


Abb. 40: 'Neighbor-Joining-Tree' für 70 zweijährige Akzessionen basierend auf 13,155 SNP-Markern kombiniert mit BLUEs untersuchter quantitativer Merkmale. Farbskala von dunkelgrün (= niedrigste Werte) bis dunkelrot (höchste Werte). Merkmalsabkürzungen und -einheiten in Tabelle 3 (BOF = B50, CRV = Carvongehalt in ml/100 g, LIM = Limonengehalt in ml/100 g, CRV % = Anteil Carvon am ätherischen Öl).

1.3.3. Empfehlungen zur Nutzung der Diversität, Kreuzungen (AP 11)

Es wurden mehrere Kreuzungen zwischen ein- und zweijährigen Sorten durchgeführt. Die erzeugten F₂-Populationen könnten zukünftig im Sinne von Kartierungspopulationen der Erforschung der Vererbung des Vernalisationsbedarfs dienen. Eine intensivere Einkreuzung von zweijährigem Material scheint kurzfristig nicht notwendig, da die Diversität im JKI-Material nachweislich hoch ist. Mittel- bis langfristig sollte jedoch weitere genetische Diversität vom zweijährigen Genpool in den einjährigen Genpool überführt werden.

Als neuer Genpool für den winterannualen Anbau wurden Kreuzungen der winterharten aber ätherischölgarmen Sorte 'Aprim' mit 12 verschiedenen Inzuchtlinien des JKI durchgeführt, die sich durch einen hohen Ätherischölgehalt auszeichnen. Im Herbst 2020 wurde die F₂-Generation zur Aussaat gebracht, um eine erste Selektion auf Winterhärte durchzuführen. Leider wurden die besten Linien des JKI-Zuchtmaterials mit auch akzeptablen Ertrageigenschaften (relativ geringe Inzuchtdepression) erst später ermittelt. Weitere ca. 10 Linien sollten in den winter-annualen Genpool eingebracht werden.

1.4. Optimierung der Bestimmung des Ätherischölgehalts mittels Nahinfrarotspektroskopie

Über mehrere Versuche und Jahre des Projekts wurde der Ätherischölgehalt einiger Proben mittels GC-FID von Extrakten bestimmt. Dieselben Proben wurden mit einem FT-NIR-Spektroskop vermessen. Auf Basis der Referenzwerte aus der GC-FID und der Spektraldaten der NIRS wurde ein lineares Modell zur Vorhersage des Ätherischölgehalts erstellt. Es zeigte sich eine gute Korrelation zwischen Referenzdaten und Vorhersagedaten (Abb. 41). Allerdings werden im Modell niedrige Werte leicht überschätzt und hohe Werte leicht unterschätzt. Dies ließe sich durch weitere Proben in den Extrembereichen reduzieren. Auch die Korrelation zwischen GC-FID-Werten, die nicht im Modell verwendet wurden und entsprechenden Vorhersagewerten war gut (nicht gezeigt). Eine Erhöhung des Stichprobenumfangs über weitere Jahre zur weiteren Validierung des Modells wird angestrebt. Zu beachten ist des Weiteren, dass mittels GC-FID stets höhere Werte gemessen werden als mittels Destillation (ph. Eur.-Methode). Für eine Korrektur lagen zuletzt 10-jährige Daten aus Vorgängerprojekten vor (Abbildung 42). Aufgrund eines Messgeräte-Wechsels bedarf es jedoch einer Validierung dieser Korrektur.

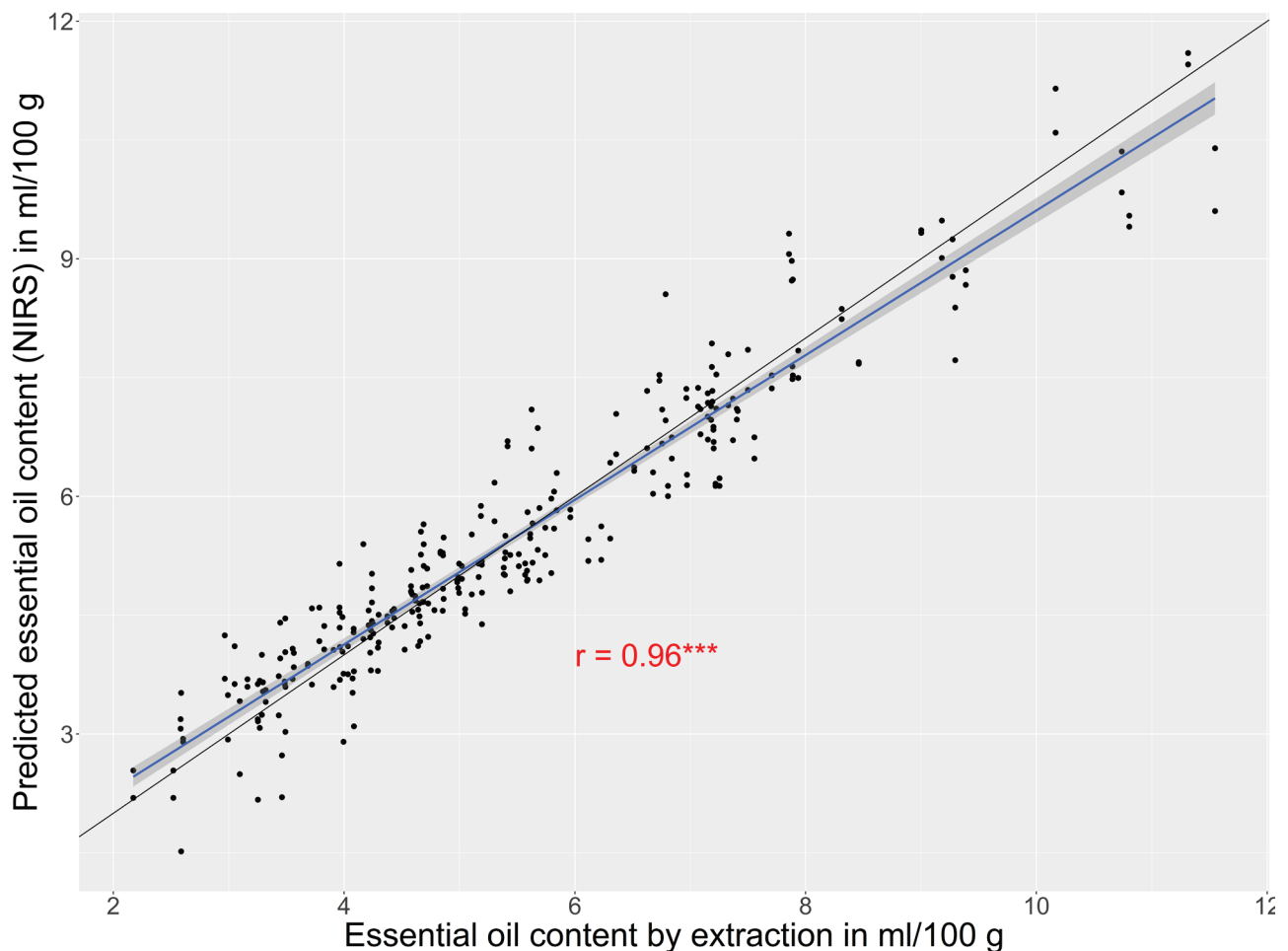


Abb. 41: Lineare Regression zwischen Referenzdaten (GC-FID) und Vorhersagedaten (NIRS) für den Ätherischölgehalt. r = Korrelationskoeffizient.

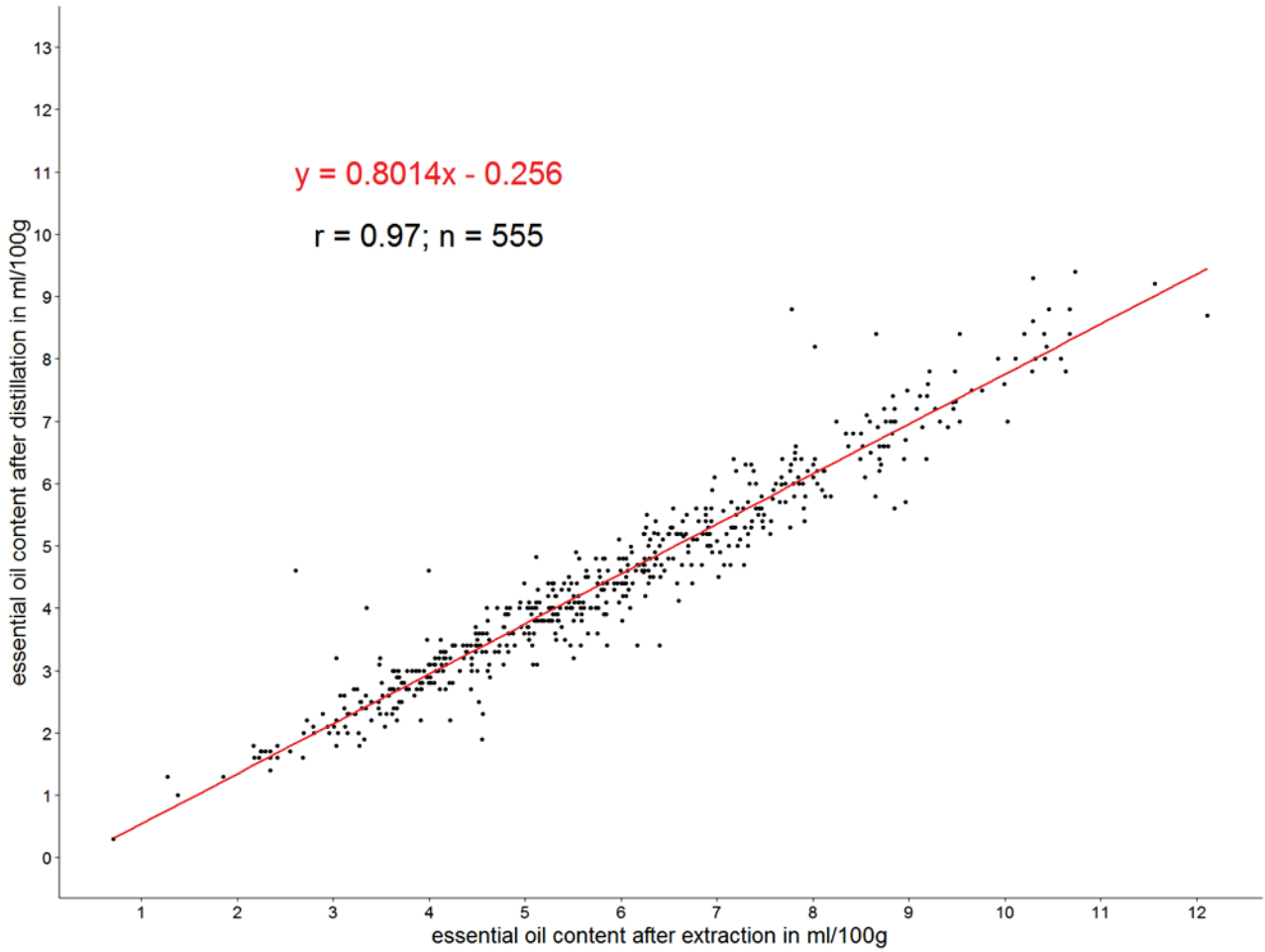


Abb. 42: Lineare Regression zwischen Extraktions- und Destillationswerten für den Ätherischölgehalt. Werte aus 1998 – 2005, 2007 und 2017. r = Korrelationskoeffizient.

1. 2. Verwertung

Wissenschaftliche Verwertbarkeit und Erfolgsaussichten:

Es wurden im Projekt wichtige neue Erkenntnisse im Bereich der Zuchtmethodik für Kümmel erzielt. Durch die Ermittlung der Auskreuzungsrate und die Aufdeckung von Inzuchtdepression und Heterosis konnte gezeigt werden, dass eine Methode der Populations- oder Hybridzüchtung genutzt werden sollte. Dies gibt Sicherheit für die Auswahl geeigneter Zuchtmethoden in zukünftigen Zuchtprogrammen. Teil-Ergebnisse wurden bereits publiziert, die weiteren Ergebnisse befinden sich im Veröffentlichungsprozess.

Die Nutzung eines GBS und die Aufdeckung von SNPs können als innovativ im Bereich der Arznei- und Gewürzpflanzen im Allgemeinen und im Bereich Kümmelzüchtung im Speziellen angesehen werden. Durch Veröffentlichung der Sequenzen wurden diese der internationalen wissenschaftlichen Gemeinschaft zugänglich gemacht. Die zahlreichen SNPs können für vielfältige weitere Analysen in Zukunft verwertet werden. Die Aufdeckung der Populationsstrukturen und individuellen verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen Akzessionen lieferte neue wissenschaftliche Erkenntnisse und kann hilfreich für die Auswahl von Material für neue Züchtungsansätze sein. Die angestrebte Veröffentlichung der generierten phänotypischen Daten wird die Verwertbarkeit weiter erhöhen.

Mit der Etablierung und Optimierung der Vorhersage des Ätherischölgehalts mittels NIRS kann in zukünftigen Zuchtprogrammen der Ätherischölgehalt kostengünstig und im Hochdurchsatz ermittelt werden.

Wirtschaftliche Verwertbarkeit und Erfolgsaussichten:

Erste Ergebnisse legen nahe, dass die aktuellen Standardsorten durch die Entwicklung einer Synthetischen Sorte unter Nutzung des Heterosiseffekts übertroffen werden können. Hierfür ist jedoch durch testweise Erstellung Synthetischer Populationen noch ein abschließender Nachweis zu erbringen. Ob das konkrete Zuchtziel von 1,5 t/ha Ertrag (im mehrjährigen Mittel) erreicht werden kann, lässt sich erst nach mehrjährigen Praxisversuchen feststellen. Auch wenn Synthetische Sorten ein höheres Ertragspotential haben dürften, könnten aktuelle klimatische Veränderungen im mehrjährigen Mittel den Ertrag wieder reduzieren. Die teilweise Umstellung auf winterannuellen Anbau dürfte eine Anpassung an lange Trockenheitsperioden im Sommer darstellen. Genetisches Material mit der notwendigen Winterhärte für den winterannuellen Anbau liegt vor. Hier ist allerdings auf Basis eines neuen Zuchtprogramms der Ätherischölgehalt deutlich zu erhöhen.

Das Zuchtziel für den Ätherischölgehalt von 5 % kann erreicht werden. Das erstellte Zuchtmaterial enthält Linien, die diesen Wert erreichen oder sogar übersteigen. Es ist jedoch mit Jahresschwankungen zu rechnen. Indem Samen mit besonders hohem Ätherischölgehalt angeboten werden können, steigen die Vermarktungschancen auf dem pharmazeutischen Markt. Damit können höhere Preise für das Erntegut erzielt werden.

Durch die generelle Erhöhung des Ertragspotentials einhergehend mit höheren Preisen aufgrund höheren Ätherischölgehalts wird die Gewinnmarge für die Kümmelproduzenten steigen. Der Kümmelanbau wird dadurch wirtschaftlich attraktiver und die Anbaufläche sollte steigen.

Notwendige nächste Phase bzw. notwendige nächste innovatorische Schritte zur erfolgreichen Umsetzung der Ergebnisse:

Der Weg zur Entwicklung einer Synthetischen Sorte erfordert weitere wissenschaftliche Begleitung. Es bedarf einer mehrjährigen Evaluierung des Zuchtmaterials, um die besten Komponenten für eine Synthetische Sorte auszuwählen. Des Weiteren muss aufgrund des gemischten Paarungssystems evaluiert werden, welche Generation für die Synthetische Sorte genutzt werden sollte. Für derartige Paarungssysteme sind in der Literatur keine eindeutigen Empfehlungen zu finden. Der notwendige Aufwand kann von privaten Anbauern nicht erbracht werden.

Die Züchtung für den winterannuellen Anbau steht noch am Anfang. Um ertragreiches und ätherischöereiches winteranneulles Zuchtmaterial zu erzeugen, bedarf es einer langfristigen Förderung.

Im Rahmen einer weiteren Projektphase könnte eine weitere wissenschaftliche Verwertung der molekulargenetischen und phänotypischen Daten stattfinden.

2. 3. Erkenntnisse von Dritten

Im Laufe der Projektzeit gab es regulatorische Änderungen im Bereich der Wirkstoffzulassungen zur Keimhemmung bei Kartoffel. Die Europäische Kommission hat die Genehmigung für den Wirkstoff Chlorpropham nicht erneuert und das Ende der Genehmigung auf den 8. Juli 2019 festgesetzt. In Deutschland endeten die Zulassungen aller Pflanzenschutzmittel mit Chlorpropham durch Zeitablauf am 31. Juli 2019. Anschließend gilt eine gesetzliche Abverkaufsfrist bis zum 31. Januar 2020 und eine Aufbrauchfrist bis zum 8. Oktober 2020. Inzwischen wird verstärkt Ethylen für die Keimhemmung eingesetzt. Die erneute Zulassung eines carvonhaltigen Pflanzenschutzmittels wäre möglich. Mit dem Wegfall von chlorprophambasierten Mitteln könnte eine neue Marktsituation zugunsten carvonhaltiger Pflanzenschutzmittel entstehen. Zudem könnte das in Entwicklung befindliche ertragreichere Zuchtmaterial mit hohem Ätherischölgehalt zu einer deutlichen Reduktion von Produktionskosten carvonhaltiger Pflanzenschutzmittel beitragen.

Uns sind im Laufe des Projektes keine neuen züchterischen oder wissenschaftlichen Entwicklungen oder Erkenntnisse auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen zur Kenntnis gelangt.

3. 4. Veröffentlichungen

Im Peer-review Verfahren

von Maydell D, Brandes J, Lehnert H, Junghanns W, Marthe F (2020) Breeding synthetic varieties in annual caraway: observations on the outcrossing rate in a polycross using a high-throughput genotyping system. *Euphytica* 217:1 <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02732-5>

von Maydell D, Lehnert H, Berner T, Klocke E, Junghanns W, Keilwagen J, Marthe F (2021) On genetic diversity in caraway: Genotyping of a large germplasm collection. *PLoS One* 15:e0244666 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0244666>

Im Review befindet sich ein weiteres Manuskript mit dem Titel: „On heterosis, inbreeding depression and general combining ability in annual caraway (*Carum carvi*)“.

Des Weiteren wird eine Publikation der Ergebnisse zur phänotypischen Diversität und Marker-Merkmal-Assoziationen vorbereitet.

Weitere Beiträge in Zeitschriften und Tagungsbänden

Von Maydell D (2020): Verbesserung des Ertragspotentials und des Ätherischölgehaltes bei Kümmel (*Carum carvi* L.). *Zeitschrift für Arznei- und Gewürzpflanzen* 24(3): 127-129.

Becker D, Riewe D, Beleites C, Krähmer A, Junghanns W, Blüthner WD, Marthe F (2020): Verbesserung des Ertragspotentials und des Ätherischölgehaltes bei Kümmel (*Carum carvi* L.). : 30. Bernburger Winterseminar Arznei- und Gewürzpflanzen, 18.02. - 19.02.2020 : Tagungsbroschüre, 27-29

Becker D, Beleites C, Krähmer A, Zeiger B, Marthe M (2018): Bestimmung des ätherischen Ölgehalts von Kümmelfrüchten (*Carum carvi* L.) mittels Nahinfrarotspektroskopie (NIRS). - Genauigkeit der Methode in Abhängigkeit von verschiedenen Parametern der Probenqualität und Probenbehandlung.. In: Marthe, F.; Blum, H.; Heuberger, H.; Pude, R. (Hrsg.): 8. Tagung Arznei- und Gewürzpflanzenforschung : Bonn, 10. - 13. September 2018 ; Vielfalt im Dialog mit Mensch und Natur, Kurzfassung der Vorträge und Poster (Julius-Kühn-Archiv 460), Quedlinburg, 110.

Becker D, Krähmer A, Beleites C, Zeiger B, Junghanns W, Marthe F (2018): Recent efforts in improving the genepool of annual caraway (*Carum carvi* L.). In: Julius Kühn-Institut (Hrsg.): 11th Young Scientists Meeting 2018: 14th – 16th November in Braunschweig - Abstracts - (Berichte aus dem Julius-Kühn-Institut 200), Braunschweig, 67.

Nothnagel T, Becker D, Krähmer A, Gudi G, Zeiger B, Junghanns W (2018): Improved genepool for annual caraway (*Carum carvi* L.). In: Carrot and other Apiaceae, 2nd International Symposium-Programme & Abstract Book, Krakow, Poland, 46.

Erfolgskontrollbericht

Zuwendungsempfänger: Julius Kühn-Institut, Quedlinburg	Förderkennzeichen: 22023215
Vorhabenbezeichnung: Erhöhung des Ertrages und des Ätherischölgehaltes von einjährigem Kümmel durch Erzeugung und Bewertung homozygoter Linien und F1-Populationen	
Laufzeit des Vorhabens: 15.06.2017 bis 31.03.2021	

4. Beitrag zu den förderpolitischen Zielen

Die Arbeiten waren konzipiert als Beitrag zur Effizienzsteigerung bei der Produktion nachwachsender Rohstoffe im deutschen Anbau. Mit der Verbesserung der Effizienz des Verfahrens zur Destillation des ätherischen Öls beim Erzeuger der Rohdroge aus dem Teilantrag 2 der Dr. Junghanns GmbH soll ein Verarbeitungsschritt in den ländlichen Raum verlagert werden. Hieraus resultieren positive sozioökonomische Impulse, denn ein Teil der erheblichen Wertschöpfung nach der Ernte der Kümmelfrüchte wird nahe am Anbauer oder von diesem selbst ausgeführt.

Die genannten Effizienzsteigerungen sollen eine Anbauausdehnung von Kümmel als nachwachsender Rohstoff in Deutschland unterstützen. Diese Anbauausdehnung ist die Grundlage für die verstärkte Nutzung positiver Auswirkungen hinsichtlich der Aufweitung der Fruchtfolgen mit vielfältigen Wirkungen beispielsweise auf die phytopathologische Situation und die Brechung von Arbeitsspitzen. Hierher gehören auch die Erweiterung der Agrobiodiversität besonders mit der erwünschten Wirkung auf die Steigerung der Insektenvielfalt und –anzahl.

Im Projektverlauf ist es gelungen Inzuchtlinien mit höherem Gehalt an ätherischem Öl zu entwickeln. Die erreichten Gehalte liegen im Bereich des angestrebten Zuchtzieles von 5 % und vereinzelt darüber. Daraus folgt, dass die Vorgaben des Ph.Eur. sicher übererfüllt werden können mit der Folge einer arzneilichen Nutzung dieses Materials im Sinne eines nachwachsenden Rohstoffes. Damit ist der wichtigste Bezug zur förderpolitischen Zielsetzung gesichert. Die Anbauausdehnung wird erst mittelfristig eintreten. Aber auch die hiermit im Zusammenhang stehenden förderpolitischen Zielsetzungen werden mittelfristig erreicht werden. Gegenwärtig ist eine Nutzung von ätherischem Kümmelöl als Pflanzenschutzmittel nicht absehbar.

5. Erzielte Ergebnisse

Für eine detaillierte Darstellung der Ergebnisse zu allen Themengebieten verweisen wir auf den Teil I b) des Schlussberichts.

Als Basismaterial für die Züchtungsprozesse im Projekt wurden 44 Inzuchtlinien selektiert. Alle Linien wurden in der Projektzeit einer Leistungsprüfung unterzogen. Auf Basis der bisherigen Ergebnisse schätzten wir 7 Linien als besonders wertvoll ein. Weitere 14 Linien sollten in weiteren Jahren getestet werden. Keine der Linien erreichte jedoch den Ertrag der Populationssorte 'Sprinter'. Dies ist auf Inzuchtdepression zurückzuführen, was in einem Auskreuzungsversuch (Polycross) mit anschließendem Leistungstest festgestellt wurde. Die Auskreuzungsrate lag zwischen 52 und 82 % und im Mittel bei 66,5 %, sodass wir ein gemischtes Paarungssystem mit vorwiegender Fremdbestäubung konstatieren können. Alle F₁-Populationen erzielten höhere Erträge als die jeweiligen Inzuchtlinien. Daraus folgt, dass bei der Kümmelzüchtung Heterosis genutzt werden kann und sollte.

Bei der Evaluierung von Zuchtmaterial für den winter-annuellen Anbau stellten wir fest, dass keine Genotypen vorhanden sind, die gute Winterhärte mit hohem Ätherischölgehalt verbinden. Kreuzungen zwischen winterhartem und ätherischölreichem Zuchtmaterial scheinen notwendig. 12 F₂-Populationen aus derartigen Kreuzungen wurden im Projekt bereits erzeugt.

Mit einem GBS wurde ein Set aus 137 Akzessionen genotypisiert. Auf Basis von 13.155 SNPs konnten die individuellen verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen den Genotypen aufgedeckt werden. Die primäre Populationsstruktur war eng mit dem Blühtyp assoziiert. Einzelne SNPs wurden erfolgreich zur Bestimmung der Auskreuzungsrate und für Kreuzungsnachweise in ein PCR-basiertes Marker-System überführt.

Eine effiziente Vorhersage des Ätherischölgehalts mittels NIRS wurde im Laufe des Projekts etabliert und optimiert. In Zukunft bedarf es lediglich einer regelmäßigen Validierung der Modelle durch eine Referenzanalytik im geringfügigen Umfang.

6. Fortschreibung des Verwertungsplans

3.1. Erfindungen/Schutzrechtsanmeldungen und erteilte Schutzrechte

Im Laufe des Berichtszeitraums wurden keine Schutzrechte angemeldet oder erteilt. Die Züchtung hat noch nicht die finale Phase der Sortenentwicklung erreicht.

3.2. Wirtschaftliche Erfolgsaussichten nach Projektende (mit Zeithorizont)

Kurzfristig (Unmittelbar im Anschluss an das Projekt):

Im Projekt erzeugtes Zuchtmaterial kann noch nicht unmittelbar wirtschaftlich verwertet werden.

Mittelfristig (in ca. 1-4 Jahren):

Im Rahmen einer anschließenden Projektphase könnten erste Synthetische Populationen für einen Testanbau unter Praxisbedingungen erzeugt werden. Bei Bestätigung der erwarteten Ergebnisse (Erhöhung des Ertrags und des Ätherischölgehalts) könnte im Anschluss der Anbau jenes Materials ausgedehnt werden. Für eine schnelle Überführung des Zuchtmaterials in den Anbau stehen die am Verbundvorhaben beteiligten Projektpartner zur Verfügung.

Langfristig (>4 Jahre):

Für eine langfristige Sicherung und Ausdehnung des Kümmelanbaus in Deutschland scheint die Etablierung winter-annualer Sorten mit hohem Ertrag und Ätherischölgehalt erforderlich. Für diese langfristige Strategie wurde mit Neukombinationen von Zuchtmaterial im Projekt der Anfang gestellt.

3.3. Wissenschaftliche und/oder technische Erfolgsaussichten nach Projektende (mit Zeithorizont)

Kurzfristig (Unmittelbar im Anschluss an das Projekt):

Es wurden im Projekt wichtige neue Erkenntnisse im Bereich der Zuchtmethodik erzielt. Durch die Ermittlung der Auskreuzungsrate und die Aufdeckung von Inzuchtdepression und Heterosis konnte gezeigt werden, dass eine Methode der Populations- oder Hybridzüchtung genutzt werden sollte. Dies gibt Sicherheit für die Auswahl geeigneter Zuchtmethoden in zukünftigen Zuchtprogrammen. Teil-Ergebnisse wurden bereits publiziert, die weiteren Ergebnisse befinden sich im Veröffentlichungsprozess. Somit profitieren auch andere züchterische Einrichtungen von den Erkenntnissen.

Die Nutzung eines GBS und die Aufdeckung von SNPs können als innovativ im Bereich der Arznei- und Gewürzpflanzen im Allgemeinen und im Bereich Kümmelzüchtung im Speziellen angesehen werden. Durch Veröffentlichung der Sequenzen wurden diese der internationalen wissenschaftlichen Gemeinschaft zugänglich gemacht. Die zahlreichen SNPs können für vielfältige weitere Analysen in Zukunft verwertet werden. Die Aufdeckung der Populationsstrukturen und individuellen verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen Akzessionen lieferte neue wissenschaftliche Erkenntnisse und kann hilfreich für die Auswahl von Material für neue Züchtungsansätze sein. Mit der Etablierung und Optimierung der Vorhersage des Ätherischölgehalts mittels NIRS kann in zukünftigen Zuchtprogrammen der Ätherischölgehalt kostengünstig und im Hochdurchsatz ermittelt werden.

Mittelfristig (in ca. 1-4 Jahren):

Die angestrebte Veröffentlichung der generierten phänotypischen Daten und von Marker-Merkmal-Assoziationen wird die Verwertbarkeit der oben genannten Sequenzdaten weiter erhöhen.

Langfristig (>4 Jahre):

Im Rahmen möglicher weiterer Projektphasen können aufbauend auf den im Projekt erzielten Ergebnissen und etablierten Methoden weitergehende wissenschaftliche Untersuchungen erfolgen.

3.4. Wissenschaftliche und wirtschaftliche Anschlussfähigkeit

Der Weg zur Entwicklung einer Synthetischen Sorte erfordert weitere wissenschaftliche Begleitung. Es bedarf einer mehrjährigen Evaluierung des Zuchtmaterials, um die besten Komponenten für eine Synthetische Sorte auszuwählen. Des Weiteren muss aufgrund des gemischten Paarungssystems evaluiert werden, welche Generation für die Synthetische Sorte genutzt werden sollte. Für derartige Paarungssysteme sind in der Literatur keine eindeutigen Empfehlungen zu finden. Der notwendige Aufwand kann von privaten Anbauern nicht erbracht werden.

Die Züchtung für den winter-annualen Anbau steht noch am Anfang. Um ertragreiches und ätherischölreiches winter-annuals Zuchtmaterial zu erzeugen, bedarf es einer langfristigen Förderung.

Im Rahmen einer weiteren Projektphase könnte eine weitere wissenschaftliche Verwertung der molekulargenetischen und phänotypischen Daten stattfinden.

7. Arbeiten, die zu keiner Lösung geführt haben

8. Präsentationsmöglichkeiten für mögliche Nutzer

Publikationen im peer-review Verfahren

von Maydell D, Brandes J, Lehnert H, Junghanns W, Marthe F (2020) Breeding synthetic varieties in annual caraway: observations on the outcrossing rate in a polycross using a high-throughput genotyping system. *Euphytica* 217:1 <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02732-5>

von Maydell D, Lehnert H, Berner T, Klocke E, Junghanns W, Keilwagen J, Marthe F (2021) On genetic diversity in caraway: Genotyping of a large germplasm collection. *PLoS One* 15:e0244666 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0244666>

Im Review befindet sich ein weiteres Manuskript mit dem Titel: „On heterosis, inbreeding depression and general combining ability in annual caraway (*Carum carvi*)“.

Des Weiteren wird eine Publikation der Ergebnisse zur phänotypischen Diversität und Marker-Merkmal-Assoziationen vorbereitet.

Weitere Beiträge in Zeitschriften und Tagungsbänden

Von Maydell D (2020): Verbesserung des Ertragspotentials und des Ätherischölgehaltes bei Kümmel (*Carum carvi* L.). *Zeitschrift für Arznei- und Gewürzpflanzen* 24(3): 127-129.

Becker D, Riewe D, Beleites C, Krähmer A, Junghanns W, Blüthner WD, Marthe F (2020): Verbesserung des Ertragspotentials und des Ätherischölgehaltes bei Kümmel (*Carum carvi* L.). : 30. Bernburger Winterseminar Arznei- und Gewürzpflanzen, 18.02. - 19.02.2020 : Tagungsbroschüre, 27-29

Becker D, Beleites C, Krähmer A, Zeiger B, Marthe M (2018): Bestimmung des ätherischen Ölgehalts von Kümmelfrüchten (*Carum carvi* L.) mittels Nahinfrarotspektroskopie (NIRS). - Genauigkeit der Methode in Abhängigkeit von verschiedenen Parametern der Probenqualität und Probenbehandlung.. In: Marthe, F.; Blum, H.; Heuberger, H.; Pude, R. (Hrsg.): 8. Tagung Arznei- und Gewürzpflanzenforschung : Bonn, 10. - 13. September 2018 ; Vielfalt im Dialog mit Mensch und Natur, Kurzfassung der Vorträge und Poster (Julius-Kühn-Archiv 460), Quedlinburg, 110.

Becker D, Krähmer A, Beleites C, Zeiger B, Junghanns W, Marthe F (2018): Recent efforts in improving the genepool of annual caraway (*Carum carvi* L.). In: Julius Kühn-Institut (Hrsg.): 11th Young Scientists Meeting 2018 : 14th – 16th November in Braunschweig - Abstracts - (Berichte aus dem Julius-Kühn-Institut 200), Braunschweig, 67.

Nothnagel T, Becker D, Krähmer A, Gudi G, Zeiger B, Junghanns W (2018): Improved genepool for annual caraway (*Carum carvi* L.). In: Carrot and other Apiaceae, 2nd International Symposium-Programme & Abstract Book, Krakow, Poland, 46.

9. Ausgaben- und Zeitplanung

Aus mehreren Gründen wurde die Laufzeit des Projekts verlängert. Erstens konnte das Projekt durch die Einstellung des wissenschaftlichen Mitarbeiters zum 01.10.2017 erst verspätet im vollen Umfang begonnen werden. Zweitens konnten witterungsbedingt einzelne Versuche nicht planmäßig abgeschlossen werden. Drittens kam es durch die Covid-19 Pandemie zu allgemeinen Verzögerungen im Projektverlauf. Die Verlängerung konnte in Teilen von veranschlagten Projektmitteln gedeckt werden.

Berichtsblatt - Kurzfassung des Vorhabens

Zuwendungsempfänger:

Julius Kühn-Institut, Quedlinburg

Förderkennzeichen:

22023215

Thema:

Erhöhung des Ertrages und des Ätherischölgehaltes von einjährigem Kümmel durch Erzeugung und Bewertung homozygoter Linien und F₁-Populationen

Laufzeit des Vorhabens:

15.06.2017 bis 31.03.2021

Projektbeschreibung:

Zentrales Projektziel war die Selektion von einjährigem Kümmel mit erhöhtem Ertrag und Ätherischölgehalt. Auf Basis des selektierten Zuchtmaterials soll der Anbau in Deutschland gesichert und langfristig ausgedehnt werden. Um diese Ziele zu erreichen, sollte die Züchtung synthetischer Sorten als Züchtungsmethode für Kümmel etabliert und wissenschaftlich evaluiert werden. Im wissenschaftlichen Fokus standen daher Untersuchungen zur Inzuchtdepression, Heterosis und Auskreuzungsrate bei Kümmel. Als zusätzliche Option zum sommerannuellen Anbau sollte der winterannuelle Anbau (Herbstaussaat) evaluiert und Zuchtmaterial für diesen Anbau selektiert werden. Beim winterannuellen Anbau soll zum einen durch Verlängerung der Vegetationszeit das Ertragspotential erhöht werden. Zum anderen sollen durch Nutzung der Niederschläge im Herbst und Frühjahr und eine frühere Reife die prognostizierten Auswirkungen des Klimawandels wie häufige Sommertrockenheit vermieden oder abgemildert werden. Des Weiteren sollte ein größeres Set von Kümmelakzessionen (Einjährige, Zweijährige, Wildtypen) genotypisiert werden, um genetische Diversität und verwandtschaftliche Beziehungen aufzudecken. Diese Informationen werden für zukünftige Züchtungsprogramme, aber auch für zeitnahe Selektionsentscheidungen hilfreich sein. Zudem sollte ein Vorhersagemodell zur Bestimmung des Ätherischölgehalts mittels Nahinfrarotspektroskopie optimiert werden. Dadurch würde die Bestimmung des Ätherischölgehalts deutlich beschleunigt und kostengünstiger werden.

Projektergebnisse:

Als Basismaterial für die Züchtungsprozesse im Projekt wurden 44 Inzuchtlinien selektiert. Alle Linien wurden in der Projektzeit einer Leistungsprüfung unterzogen. Auf Basis der bisherigen Ergebnisse schätzten wir sieben Linien als besonders wertvoll ein. Weitere 14 Linien sollten zukünftig getestet werden. Keine der Linien erreichte jedoch den Ertrag der Populationssorte 'Sprinter'. Dies ist auf Inzuchtdepression zurückzuführen, was in einem Auskreuzungsversuch (Polycross) mit anschließendem Leistungstest festgestellt wurde. Die Auskreuzungsrate lag zwischen 52 und 82 % und im Mittel bei 66,5 %, sodass wir ein gemischtes Paarungssystem mit vorwiegender Fremdbestäubung konstatieren können. Alle F₁-Populationen erzielten höhere Erträge als die jeweiligen Inzuchtlinien. Daraus folgt, dass bei der Kümmelzüchtung Heterosis genutzt werden kann und sollte.

Bei der Evaluierung von Zuchtmaterial für den winter-annuellen Anbau stellten wir fest, dass keine Genotypen vorhanden sind, die gute Winterhärte mit hohem Ätherischölgehalt verbinden. Kreuzungen zwischen winterhartem und ätherischölreichem Zuchtmaterial scheinen notwendig. Aus derartigen Kreuzungen wurden 12 F₂-Populationen im Projektzeitraum bereits erzeugt.

Mit einem GBS (genotyping by sequencing) wurde ein Set aus 137 Akzessionen genotypisiert. Auf Basis von 13.155 SNPs konnten die individuellen verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen den Genotypen aufgedeckt werden. Die primäre Populationsstruktur war eng mit dem Blühtyp assoziiert. Einzelne SNPs wurden erfolgreich zur Bestimmung der Auskreuzungsrate und für Kreuzungsnachweise in ein PCR basiertes Marker-System überführt.

Eine effiziente Vorhersage des Ätherischölgehalts mittels NIRS wurde im Laufe des Projekts etabliert und optimiert. In Zukunft bedarf es lediglich einer regelmäßigen Validierung der Modelle durch eine Referenzanalytik (Gaschromatographie) im geringfügigen Umfang.

Short Project Description

Beneficiary: Julius Kühn-Institute, Quedlinburg	Project number: 22023215
Project title: Increasing yield and essential oil content of annual caraway via production and evaluation of homozygous lines and F ₁ populations	
Project period: 15.06.2017 bis 31.03.2021	

Project objective:

The central project goal was the selection of annual caraway with increased yield and essential oil content. On the basis of the selected breeding material, cultivation in Germany is to be secured and expanded. In order to achieve these goals, breeding of synthetic varieties should be established and scientifically evaluated as a breeding method for caraway. The scientific focus is therefore on studies on inbreeding depression, heterosis and outcrossing rate in caraway. As an additional option for growing caraway, winter-annual cultivation (autumn sowing) should be evaluated. Beforehand, breeding material has to be selected. By winter annual cultivation, the yield potential should be increased by extending the vegetation period. Moreover, the predicted effects of climate change such as frequent summer drought are to be avoided or mitigated by using the precipitation in autumn and spring and by earlier maturity of plants. Furthermore, a large set of caraway accessions (annuals, biennials, wild types) should be genotyped in order to reveal genetic diversity and individual relationships between accessions. This information will be helpful for future breeding programs, but for immediate selection decisions as well. In addition, a prediction model for determining the essential oil content by means of near-infrared spectroscopy should be optimized. As a result, the determination of the essential oil content would be significantly accelerated and more cost-effective.

Project results:

As the basic material for most breeding processes in the project, 44 inbred lines were selected. All lines were subjected to a performance test during the project period. Based on the results, we rated seven lines as particularly valuable. Another 14 lines should be further investigated. However, none of the lines achieved the yield of the population-variety 'Sprinter'. This is due to inbreeding depression, which was determined in an outcrossing trial (polycross) with a subsequent performance test. The outcrossing rate ranged from 52 to 82% and was on average 66.5%. Thus, we can conclude that caraway exhibits a mixed mating system with predominantly cross-pollination. All F₁ populations achieved higher yields than the respective inbred lines. It follows that heterosis can and should be used in caraway cultivation.

Evaluating breeding material for winter-annual cultivation, we found no genotypes that combine good winter hardiness with a high essential oil content. Crosses between frost-resistant and essential oil-rich breeding material seem necessary. 12 F₂ populations from such crossings were already generated during the project period.

A set of 137 accessions was genotyped by a GBS (genotyping by sequencing). On the basis of 13,155 SNPs, the individual relationships between the genotypes could be revealed. The primary population structure was closely associated with the type of flowering. Individual SNPs were successfully transferred to a PCR-based marker system to determine the outcrossing rate and for the determination of crossing success.

An efficient prediction of the essential oil content using NIRS was established and optimized in the course of the project. In the future, only a regular validation of the models by means of reference analysis (gas chromatography) will be required to a minor extent.

