

Genetische und Genomische Ressourcen als Grundlage für die Züchtung von Echter Kamille

Genetic and genomic resources as basis for breeding German chamomile

Lars-Gernot Otto¹, Beate Kellert¹, Woohyeon Cho², Jonathan Brassac³, Maria Yuli Gonzalez¹, Lyudmyla Malysheva-Otto¹, Axel Himmelbach⁴, Martin Mascher²

¹Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), AG Quantitative Genetik, 06466 Seeland, OT Gatersleben

²Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), AG Domestikationsgenomik, 06466 Seeland, OT Gatersleben

³Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, 06484 Quedlinburg, Germany

⁴Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), AG Genomik Genetischer Ressourcen, 06466 Seeland, OT Gatersleben

ottol@ipk-gatersleben.de

DOI: 10.5073/20230821-141243-0

Zusammenfassung

Echte Kamille, *Matricaria recutita* L., ist eine der wichtigsten Arzneipflanzen und dient der Behandlung diverser Erkrankungen wie Infektionen und Entzündungen der Haut, gastrointestinale Beschwerden und Atemwegsprobleme. Neben ihrer wirtschaftlichen Bedeutung trägt der Anbau der Kamille zur Agrobiodiversität und als Blühkultur zur Insektenfreundlichkeit bei. Für den Landwirt muss der Anbau wirtschaftlich verlässlich gewinnbringend sein. Züchtungsarbeiten zur Erzeugung verbesserter Sorten finden nur sehr selten statt, so dass die aktuellen Sorten und Elitelinien neuen Herausforderungen z.B. durch den Klimawandel häufig nicht optimal begegnen. Pflanzengenetische Ressourcen bieten mit ihrer genetischen Diversität die Möglichkeit, neue oder verbesserte Merkmale in die aktuellen Sorten zu integrieren. Beispiele dafür sind optimierter Inhaltsstoffgehalt, abiotische Stresstoleranz oder Krankheitsresistenzen.

Drei verschiedene di- und tetraploide Linien Echter Kamille mit rezessiv vererbbarer männlicher Sterilität (MS) wurden in Sorten und Handelssaatgut identifiziert und können zur gezielten Kreuzung und Bestäubunglenkung in der Züchtung genutzt werden. Die genetischen Grundlagen für die MS wurden mittels Transkriptomanalyse und GWAS unter Nutzung von SNP-Markern aus Genotyping-by-Sequencing (GBS) analysiert. Es wurden mit MS assoziierte Genomsequenzen erhalten, die aber maximal bei 92 % der untersuchten MS-Pflanzen und ebenfalls bei 5 % der MF-Pflanzen detektiert wurden, und daher nicht hinreichend für marker-gestützte Selektion nutzbar sind. Aktuell finden Arbeiten zur Erzeugung eines ersten Genomassemblies der diploiden Kamillensorte Bona statt, um mit diesem als Grundlage Marker mit einer noch deutlich stärkeren Assoziierung mit dem Merkmal MS zu identifizieren, beispielhaft zur Markerentwicklung auch für andere wichtige Merkmale. Diese „Züchter-Marker“ mit hochgradiger Assoziierung können dann für marker-gestützte Selektion eingesetzt werden, um schnell und effizient zu selektieren bzw. fehlende Eigenschaften in die ansonsten leistungsfähigen aktuellen Sorten einzukreuzen.

Stichwörter: männliche Sterilität, genetische Diversität, GBS, Transkriptomanalyse, GWAS, Genomassemblierung, Kamille, Kamillengenom, *Matricaria recutita*

Abstract

German chamomile, *Matricaria recutita* L., is one of the most important medicinal plants and is used to treat various diseases such as infections and inflammations of the skin, as well as gastrointestinal and respiratory problems. In addition to its economic importance, the cultivation of chamomile contributes to agrobiodiversity and promotes, as a flowering crop, pollinators. For the farmer, cultivation must be economically profitable and sustainable. Breeding of new chamomile varieties is hardly done, partially because of the lack of efficient breeding resources and tools. Thus, current varieties and elite lines often do not optimally address new challenges, like the global climate change or new pathogens. With their genetic diversity, plant genetic resources offer the possibility to introduce new or improved traits into current varieties, e.g. higher content of quality related compounds, abiotic stress tolerance or disease resistance.

Three different di- and tetraploid lines of chamomile with heritable, recessive male sterility (MS) and originating from varieties and traded seeds have been identified, which are useful in breeding to direct crossing and control pollination. The genetic basis for the MS was investigated by transcriptome analysis and by GWAS using SNP markers from genotyping-by-sequencing (GBS). Genome sequences associated with MS were identified, but were not sufficiently linked to the trait to use these for marker assisted selection, i.e. in a maximum of 92 % of the MS plants but also in 5 % of the MF plants these were detected. Currently, a draft genome assembly for the diploid chamomile variety Bona is compiled with the aim to serve as a first reference genome. Using this genome assembly, markers with a stronger association for MS should be identified, also serving as example for other important traits. These "breeders' markers" with a high degree of marker-trait association could then be used for cost and time efficient marker-assisted selection in order to select quickly and efficiently for desired traits, or control of introgression of novel traits into otherwise high-performing varieties.

Keywords: male sterility, genetic diversity, GBS, transcriptome analysis, GWAS, draft genome assembly, *Matricaria recutita*, chamomile