

Entwicklung und Anwendung molekularer und informatorischer Werkzeuge für das genetische Monitoring bei Wildrüben (*Beta* sp., *Patellifolia* sp.)

M. Enders^{1,2}, L. Frese¹ und M. Nachtigall¹

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für Züchtungsforschung an landw. Kulturen mit Versuchsstation zur Kartoffelforschung, ²Martin Luther Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik
matthiasenders@gmail.com

Die zum Genpool (Harlan und de Wet 1971) einer Kulturart zugehörigen Wildarten werden als Crop Wild Relatives (CWR) bezeichnet. Sie sind eine wirtschaftlich bedeutende pflanzengenetische Ressource (PGR) für die Pflanzenzüchtung (Maxted et al. 2008). Ein Verfahren zur Erhaltung von PGR am natürlichen Standort (*in situ*) stellt die Einrichtung sog. „genetic reserve“ dar (Maxted et al. 1997). Dieser Ansatz sichert vorhandene innerartliche Diversität, ermöglicht im Gegensatz zu *ex situ* Verfahren aber die Entstehung neuartiger genetischer Variabilität. Bei der Entwicklung des Verfahrens sind die bislang nicht sicher vorhersehbaren Auswirkungen des Klimawandels, die damit verbundenen Veränderungen der Lebensräume sowie daraus resultierender Prozesse wie genetische Erosion und Migration zu berücksichtigen. Das Konzept des „Genetischen Schutz-areals“ wird im Rahmen des JKI koordinierten EU Projektes „AEGRO“ u.a. an der Gattung *Beta* praxisnah getestet. *Beta patula* (Ait.) und *Beta vulgaris* (L.) ssp. *maritima* (Arcang.) dienen dabei als Modellarten. Beide Arten sind wichtige Ressourcen der Zuckerrübenzüchtung (Skaracis, 2005) und verfügen über sehr unterschiedliche

Verbreitungsareale. *Beta patula* ist selten, gefährdet und besitzt ein kleines

Verbreitungsareal. Diese Kriterien sprechen für die Einrichtung eines genetischen Schutzareals auf der Schäre „Ilheu do Desembarcadouro“ (Pinheiro de Carvalho et al. 2010). *B. vulgaris* ssp. *maritima* kommt hingegen entlang der Atlantikküste Westeuropas häufig vor. Diese Unterart scheint sich seit ca. 150 Jahren entlang der Ostseeküsten auszubreiten (Drießen, 2003). Seit 2004 ist sie auch auf einer russischen Insel südlich von Finnland anzutreffen (Glazkova, 2006). Die Unterart „*maritima*“ ist deshalb zur Untersuchung von Folgen der Migration auf die innerartliche Diversität geeignet.

Beide Fragestellungen erfordern eine Analyse der geographischen Strukturen genetischer Diversität. Hierfür wurden von *B. patula* auf zwei Schären nahe Madeira (Portugal) auf sieben Teilflächen und für *Beta vulgaris* ssp. *maritima* an sieben Orten im westlichen Ostseeraum Einzelpflanzenblattproben gesammelt und die genetische Variabilität des Materials mit 25 SSR-Markern (Simple Sequence Repeat) analysiert.

Um die während eines genetischen Monitorings anfallenden Feld – und Labordaten speichern und für die spätere Verrechnung aufbereiten zu können, wurde eine Datenbank entwickelt. Zur

statistischen Analyse der genetischen Diversität beider Materialgruppen wurden u.a. die Anwendungen „Darwin“ (Gonnet et al. 2000), „Phylip“ (Felsenstein 1989) und „SAS“ (Anonym 2002) genutzt. Als Schnittstelle zwischen Datenbank und Auswertesoftware wurden VBA (Visual Basic for Applications) basierte Module entwickelt. Auf der Grundlage der Diversi-

tätsanalysen werden Empfehlungen für den Aufbau und das Management eines genetischen Schutzareals für *B. patula* diskutiert. Für *Beta vulgaris ssp. maritima* wurde eine Datenbasis für weiterführende Untersuchungen zur zeitlichen und räumlichen Veränderung genetischer Diversität geschaffen.