

DSL 17 Charakterisierung genetischer Ressourcen von Kamille (*Matricaria recutita* L.) mit Hilfe molekularer Techniken

*Characterisation of genetic resources in German chamomile (*Matricaria recutita* L.) using molecular and genomic methods*

Lars-Gernot Otto, Timothy Sharbel

AG Apomixis, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung,
Corrensstr. 3, 06466 Gatersleben, Deutschland
OttoL@ipk-gatersleben.de



DOI 10.5073/jka.2014.446.017

Zusammenfassung

Bei Kulturpflanzen wie Weizen, Gerste oder Mais, die als Lebens- oder Futtermittel Verwendung finden, werden sehr erfolgreich molekulare Techniken bei der Erschließung genetischer und genomischer Ressourcen und züchterischen Selektion verwendet. Diese Möglichkeiten bestehen auch für Arznei- und Gewürzpflanzen. Bei Echter Kamille als eine der wirtschaftlich bedeutendsten mitteleuropäischen Arzneipflanzen wurden verschiedene Methoden zur Charakterisierung genetischer Variabilität bei kultivierten und wilden Herkünften angewandt.

Bei jeweils mehreren Pflanzen aus 46 di- und tetraploiden Kamilleherkünften (Sorten, Populationen, Akzessionen) verschiedenen geographischen Ursprungs wurde mittels AFLP-Markern eine Analyse zur genetischen Diversität durchgeführt. Zur Bestimmung der Fremdbefruchtungsrate, die Einfluss auf die Züchtungsabläufe hat, werden aktuell Vaterschaftstests mit Hilfe von Mikrosatellitenmarkern bei verschiedenen Herkünften durchgeführt.

Zur Identifizierung von Kandidatenfaktoren für männliche Sterilität und die Entwicklung molekularer Marker für männliche Sterilität als Handwerkszeug für die Züchtung steriler Linien wurde eine Microarray-Analyse und „Next-Generation“-Transkriptomsequenzierung durchgeführt. Die Genexpression von männlich sterilen Zungenblüten wurde mit männlich fertilen Röhrenblüten bei 4 Pflanzen unterschiedlicher Herkunft und jeweils 3 verschiedenen Entwicklungsstadien verglichen.

Diese Arbeit wurde gefördert vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) und der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Abstract

Molecular methods have been frequently and successfully used for the exploitation of genetic and genomic resources in crop plant breeding, including wheat, barley or maize. In contrast, such an approach to ameliorate medicinal and aromatic plant breeding is relatively underexploited. Here, several methods were used to characterise genetic and reproductive variability in cultivated and wild origins (varieties, accessions and populations) in German Chamomile, one of the economically most important medicinal plants in Central Europe.

Using AFLP- and microsatellite markers, the genetic diversity characterising German chamomile was evaluated for 46 di- and tetraploid origins from various geographic regions and several genotypes each. Microsatellites are additionally used for the determination of outcrossing and selfing ratios, whose knowledge is essential for breeding strategies.

Next generation transcriptome sequencing and microarray analyses were completed to identify (1) candidate factors for male sterility, and (2) to develop molecular markers for male sterility as a breeding tool. Genome-wide gene expression patterns were compared between male sterile ray florets and male fertile disc florets in 4 genotypes each, from different geographic origin and three flower developmental stages.

This work was financed by the Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) via the Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR).