

---

## Poster

---

### Genetische Erhaltungsgebiete für *Apium graveolens* L. subsp. *graveolens*

*Genetic reserves for Apium graveolens* L. subsp. *graveolens*

**Marion Nachtigall\*, Maria Bönisch, Uta Schirmak, Lorenz Bülow, Lothar Frese**

Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

\*Korrespondierende Autorin, marion.nachtigall@julius-kuehn.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.011

#### Zusammenfassung des Posters von NACHTIGALL et al. (2019)

Der Verlust an Artenvielfalt schreitet unaufhaltsam voran. Besonders besorgniserregend ist der Verlust innerartlicher genetischer Vielfalt von Wildarten, die mit unseren Kulturpflanzen verwandt (WVK) und als genetische Ressource für die Pflanzenzüchtung unverzichtbar sind. Deshalb soll im Rahmen eines vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung geförderten Modell- und Demonstrationsprojektes für Wildsellerie (FKZ 2814BM110 bis 112) beispielhaft für andere WVK ein Netzwerk genetischer Erhaltungsgebiete aufgebaut werden. Ein genetisches Erhaltungsgebiet (GenEG) ist definiert als eine für aktive und dauerhafte Erhaltungsmaßnahmen ausgewiesene Fläche, auf der ein Management und Monitoring genetischer Vielfalt natürlich vorkommender Wildpflanzenpopulationen durchgeführt wird (MAXTED et al., 1997).

Für die genetischen Analysen wurden 27 *A. graveolens*-Vorkommen aus unterschiedlichen Naturräumen und Habitattypen ausgewählt. Je Vorkommen wurden rund 30 Individuen beprobt und mit 16 polymorphen SSR Markern untersucht, die von ACQUADRO et al. (2006) bzw. FU et al. (2013, 2014) entwickelt wurden. Mit dem ProcAllele-Verfahren (SAS 9.4) wurden deskriptive genetische Parameter (Polymorphic Information Content, PIC; erwartete Heterozygotie,  $H_e$ ; beobachtete Heterozygotie,  $H_o$ ) berechnet. Die Abweichung vom Hardy-Weinberg-Prinzip (HWP) wurde mit dem  $\chi^2$ -Test ( $p = 0,05$ ) überprüft. Mit dem genetischen Distanzmaß  $\Delta$  (GREGORIUS et al., 2003) und dem Programm DifferInt (GILLET, 2013) wurden die genetische Diversität im Material, die paarweise genetische Distanz sowie die genetische Differenzierung zwischen den *A. graveolens*-Vorkommen bestimmt. Die Visualisierung der geographischen Verteilungsmuster genetischer Variation erfolgte mit R-Version 3.5.1. und der Funktion nj (Neighbor-Joining) aus dem Paket ape (Version 5.1).

Die Anzahl detektierter Allele schwankt zwischen 4 (Fn09) und 18 (ECMS06, QC43), der kleinste PIC-Wert beträgt 0,042 und der größte 0,803. Ein überwiegender Teil der Marker-Vorkommen-Kombinationen (80 %) befindet sich nicht im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht. Unterschiede in der genetischen Zusammensetzung der 27 Vorkommen wurden deshalb mit dem Maß  $\Delta_{SD(i)=1 \dots 27}$  ermittelt, wobei  $\Delta_{SD(i)} = 0$  vollständige und  $\Delta_{SD(i)} = 1$  keine Übereinstimmung mit seinem Komplement bedeutet. Das Komplement stellt die genetische Zusammensetzung aller gepoolten Vorkommen ausgenommen des Vorkommens  $\Delta_{SD(i)}$  dar. Die mittlere genetische Differenzierung  $\Delta_{SD}$ , d. h. der Mittelwert aus allen  $\Delta_{SD(i)}$ , ist mit 0,3688 unterdurchschnittlich ausgeprägt. Das Vorkommen AgHEC bei Staßfurt (Sachsen-Anhalt) zeigt die geringste genetische Distanz ( $\Delta_{SD(AgHEC)} = 0,251$ ) zum Komplement und repräsentiert somit die genetische Zusammensetzung der gepoolten 26 Vorkommen am besten, während das Vorkommen AgWA bei Helmstedt die größte Distanz ( $\Delta_{SD(AgWA)} = 0,478$ ) zum Komplement aufweist und sich am stärksten vom Komplement unterscheidet. Die *A. graveolens*-Vorkommen bilden zwei große und zwei kleinere Gruppen. Während in den Gruppen II und III nur Vorkommen aus Binnensalzstellen (Binnenland) vertreten sind, befinden sich in Gruppe IV ausschließlich Vorkommen von der Ostseeküste. Demgegenüber umfasst die Gruppe I Vorkommen sowohl aus dem Binnenland als auch von der Ostseeküste.

Unter Berücksichtigung weiterer Auswahlkriterien wurden 15 Vorkommen für die Einrichtung von GenEG für *A. graveolens* ausgewählt.

**Stichwörter:** *Apium graveolens*, Echter Sellerie, In-situ-Erhaltung, genetische Diversität, Mikrosatelliten Marker

#### Abstract of the poster by NACHTIGALL et al. (2019)

The loss of species diversity is continuously progressing. Of particular concern is the loss of intraspecific genetic diversity of crop wild relatives (CWR), which are an indispensable genetic resource for plant breeding. Therefore

an exemplary network of genetic reserves for CWR will be established within the framework of a model and demonstration project for wild celery, financially supported by the German Federal Ministry of Food and Agriculture through the Federal Office for Agriculture and Food (grant number 2814BM110 to 112). A genetic reserve is defined as “the location, management and monitoring of genetic diversity in natural populations within defined areas designated for long-term active conservation” (MAXTED et al., 1997).

Twentyseven *A. graveolens* occurrences from different ecogeographic units were selected for genetic analyses. Sixteen polymorphic SSR markers developed by ACQUADRO et al. (2006) and FU et al. (2013, 2014) were identified and used to genotype up to 30 individuals per occurrence. The SAS procedure ProcAllele (SAS 9.4) was employed to calculate the descriptive genetic parameters (Polymorphic Information Content, PIC; expected heterozygosity,  $H_e$ ; observed heterozygosity,  $H_o$ ). The deviation from the Hardy-Weinberg principle (HWP) was tested with the  $\chi^2$  test ( $p = 0.05$ ). The genetic distance measure  $\Delta$  (GREGORIUS et al., 2003) and the software DifferInt (GILLET, 2013) was used to determine the genetic diversity within the material and to calculate the pair wise genetic distances between occurrences and the genetic differentiation among the *A. graveolens* occurrences. The visualisation of the geographical distribution patterns of genetic diversity was performed with R (Version 3.5.1.) and the function nj (Neighbor-Joining) from the package ape (version 5.1).

The number of detected alleles varies between 4 (Fn09) and 18 (ECMS06, QC43), the lowest PIC value is 0.042 and the highest is 0.803. The majority of the marker-occurrence-combinations (80%) deviate from Hardy-Weinberg equilibrium. Differences in the genetic composition of the 27 occurrences were determined with the measure  $\Delta_{SD(j=1 \dots 27)}$ . The measure  $\Delta$  ranges between 0 and 1, whereby  $\Delta_{SD(j)} = 0$  signifies complete and  $\Delta_{SD(j)} = 1$  no agreement of occurrence  $j$  with the genetic composition of the pooled remainder. The mean complementary genetic differentiation, i.e. the average of all  $\Delta_{SD(j)}$ , is  $\Delta_{SD} = 0.3688$  and is below average. The occurrence AgHEC ( $\Delta_{SD(AgHEC)} = 0.251$ ) located near Staßfurt (Saxony-Anhalt) represents the genetic composition of the pooled remaining 26 occurrences best while the genetic composition of AgWA ( $\Delta_{SD(AgWA)} = 0.478$ ) at Helmstedt differs most from its complement. The *A. graveolens* occurrences cluster into two large and two smaller groups. While in the groups II and III only occurrences at inland salt meadows are represented, in group IV Baltic Sea coast occurrences, respectively, were recognised. In contrast, the group I includes both occurrences of inland salt meadows and of the Baltic Sea coast.

Next to the genetic data additional selection criteria were applied to select 15 sites for the establishment of genetic reserves for *A. graveolens*.

**Keywords:** *Apium graveolens*, wild relative of celery, *in situ* conservation, microsatellite marker, genetic diversity

## Literatur

- ACQUADRO, A., F. MAGURNO, E. PORTIS, S. LANTERI, 2006: dbEST-derived microsatellite markers in celery (*Apium graveolens* L. var. *dulce*). *Molecular Ecology Notes* **6**, 1080–1082.
- FU, N., Q. WANG, H.-L. SHEN, 2013: De Novo Assembly, Gene Annotation and Marker Development Using Illumina Paired-End Transcriptome Sequences in Celery (*Apium graveolens* L.). *PLoS ONE* **8**:e57686.
- FU, N., P.-Y. WANG, X.-D. LIU, H.-L. SHEN, 2014: Use of EST-SSR Markers for Evaluating Genetic Diversity and Fingerprinting Celery (*Apium graveolens* L.) Cultivars. *Molecules* **19**, 1939–1955.
- GILLET, E.M., 2013: DifferInt: compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. *Molecular Ecology Resources* **13**, 953–964.
- GREGORIUS, H.-R., E. M. GILLET, M. ZIEHE, 2003: Measuring Differences of Trait Distributions between Populations. *Biometrical Journal* **45**, 959–973.
- MAXTED, N., J. G. HAWKES, B. V. FORD-LLOYD, J. T. WILLIAMS, 1997: Chapter 22. A practical model for *in situ* genetic conservation. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, J. G. HAWKES (Hrsg.) *Plant genetic conservation: in situ approach*. Kluwer Academic Publishers, London, UK, 339–364.
- NACHTIGALL, M., M. BÖNISCH, U. SCHIRMAK, L. BÜLOW, L. FRESE, 2019: Genetische Erhaltungsgebiete für *Apium graveolens* L. subsp. *graveolens*. *Quedlinburg*. <https://doi.org/10.5073/20190508-125726>.