

Genetische Diversität von *Helosciadium nodiflorum* (L.) W. D. J. KOCH Vorkommen in Deutschland

Genetic diversity of Helosciadium nodiflorum (L.) W. D. J. KOCH occurrences in Germany

Inga Mewis^{1*}, Annette Naumann², Matthias Zander², Lothar Frese³, Maria Bönisch³, Christian Ulrichs²

¹Humboldt-Universität zu Berlin, Thaer-Institut, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Fachgebiet Biosystemtechnik, Albrecht-Thaer Weg 3, 14195 Berlin

²Humboldt-Universität zu Berlin, Thaer-Institut, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Fachgebiet Urbane Ökophysiologie der Pflanzen, Lentzeallee 55–57, 14195 Berlin

³Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Bauer-Str. 27, 06484 Quedlinburg

*Korrespondierende Autorin, inga.mewis@hu-berlin.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.015

Zusammenfassung des Posters von MEWIS et al. (2019)

Helosciadium nodiflorum (L.) W. D. J. KOCH (Syn. *Apium nodiflorum* L.) – eine Wildart des Kulturselleriees – wurde als Modellspezies für die Etablierung genetischer Erhaltungsgebiete pflanzen genetischer Ressourcen in Deutschland ausgewählt. Die genetische Diversität und das geografische Muster der genetischen Differenzierung wurden innerhalb des vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung geförderten Modell- und Demonstrationsvorhabens GE-Sell untersucht (FKZ 2814BM110 bis 112).

H. nodiflorum kommt vor allem in westlichen und südwestlichen Bundesländern Deutschlands vor, wie Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen, Saarland und Hessen. Insgesamt wurden 24 Vorkommen zur Untersuchung der genetischen Diversität der Art ausgewählt, von welchen 20 in die finale Analyse einbezogen wurden. Ein Satz von 17 polymorphen SSR-Marker wurde identifiziert und für die genetische Analyse der Variation in den *H. nodiflorum*-Vorkommen verwendet. Die DNA-Fragmente wurden mittels PCR amplifiziert und die Fragmente mittels Mikrosatelliten-Analyse (ABI) und nach dem Mittelwert der Kapillarelektrophorese analysiert. Die festgestellte Heterozygotität (H_o) lag zwischen 0,043 und 0,543 und die erwartete Heterozygotität (H_e) zwischen 0,308 und 0,848. Der Parameter $\Delta_{SD(i)}$ wurde berechnet, um die Variationen für die Vorkommen zu gewichten. Hierbei repräsentiert HnLOE ($\Delta_{SD(HnLOE)} = 0,2901$) die beste genetische Übereinstimmung der gepoolten 19 Vorkommen und HnROD ($\Delta_{SD(HnROD)} = 0,6754$) wich am weitesten davon ab. Basierend auf molekularbiologischen und anderen biologischen Parametern wurden 15 Vorkommen als genetische Erhaltungsgebiete ausgewählt. Allerdings zeigte eine erneute Begehung der Verbreitungsgebiete nach einem Jahr (im Jahr 2018), dass zwei Populationen bereits stark durch abiotische und biotische Faktoren dezimiert wurden. Weshalb nur 13 Vorkommen als genetische Erhaltungsgebiete mit Nachdruck empfohlen werden konnten.

Stichwörter: Wildsellerievorkommen, *Apium nodiflorum*, genetische Diversität, Erhaltungsgebiet Deutschland

Abstract of the poster by MEWIS et al. (2019)

Helosciadium nodiflorum (L.) W.D.J.Koch (Syn. *Apium nodiflorum* L.), a wild relative of celery and celeriac, has been selected as a model species to promote the establishment of genetic reserves in Germany. The genetic diversity and geographic patterns of genetic differentiation was investigated in the frame of the model and demonstration project GE-Sell, financially supported by the German Federal Ministry of Food and Agriculture through the Federal Office for Agriculture and Food (grant number 2814BM110 to 112).

H. nodiflorum is distributed more in the western and south western part of Germany, namely in the states Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen, Saarland and Hessen. In total, 24 sites were selected to study the genetic diversity of the species, of which 20 have been finally investigated. A set of 17 polymorphic SSR markers were identified and used for the genetic analysis of differences in the *H. nodiflorum* occurrences. DNA was amplified by using PCR and Microsatellite (ABI) analysis of fragments was conducted by means of capillary electrophoresis. The observed heterozygosity (H_o) ranges between 0.043 and 0.543 and the expected (H_e) heterozygosity between 0.308 and 0.848. The measure $\Delta_{SD(i)}$ was calculated to evaluate the impact of each occurrence to genetic differentiation. HnLOE ($\Delta_{SD(HnLOE)} = 0.2901$) represents the genetic composition of the pooled remaining 19 occurrences best and HnROD ($\Delta_{SD(HnROD)} = 0.6754$) deviates most from its complement. Based on molecular and other biological parameters 15 occurrences were selected for the establishment of genetic reserves. However, re-visiting the population sites after 12 month and monitoring of the area revealed that two populations were

strongly reduced in number and distribution area due to abiotic and biotic factors. Therefore, only 13 occurrences for most appropriate crop wild relative population could be recommended with emphasis.

Keywords: wild celeriac, *Apium nodiflorum*, genetic diversity, reserve Germany

Literatur

- BÖNISCH, M., T. HERDEN, M. NACHTIGALL, N. FRIESEN, M. ZANDER, L. FRESE, 2016: Genetische Erhaltungsgebiete für wildlebende Verwandte der Kulturarten. BfN-Skripten **432**, 60–62.
- GILLET, E. M., 2013: Differnt: Compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. Mol. Ecol. Resour. **13**, 953–964.
- MAXTED, N., A. AVAGYAN, L. FRESE, J. IRIONDO, J. M. BREHM, A. SINGER, S. KELL, 2015: ECPGR concept for *in situ* conservation of crop wild relatives in Europe. Wild species in genetic reserves working group. European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources, Rom, Italien.
- MEWIS, I., A. NAUMANN, M. ZANDER, L. FRESE, M. BÖNISCH, C. ULRICHS, 2019: Genetic diversity of *Helosciadium nodiflorum* (L.) W. D. J. Koch occurrences in Germany. Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-132404>.