

Innerartliche Vielfalt

Identifizierung, Aufbau und Ausbau genetischer Schutzgebiete für wildlebende Verwandte unserer Kulturarten (WVK)

Identification, establishment and development of genetic reserves for crop wild relatives (CWR)

Lothar Frese*, Christoph Germeier & Marion Nachtigall

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg

*Korrespondierender Autor, lothar.frese@jki.bund.de, +49(0)3946 47701

DOI: 10.5073/jka.2012.436.015

Zusammenfassung

Mit Kultur- und Nutzpflanzenarten verwandte Wildarten sind ungeachtet ihres großen Potenzials als Quellen neuartiger genetischer Variation für die Pflanzenzüchtung nicht ausreichend geschützt. Zur Verbesserung ihres langfristigen Schutzes fordern sowohl internationale als auch nationale Biodiversitätsstrategien die Umsetzung einer In-situ-Erhaltungsstrategie, insbesondere für jene Arten, die für den Menschen von unmittelbarer Bedeutung sind. Zur Operationalisierung dieser Strategie wurde im Rahmen des vom Julius Kühn-Institut koordinierten AEGRO-Projektes die Konzeption des genetischen Schutzgebietes erprobt. Für vier Kulturpflanzengattungen (*Avena*, *Beta/Patellifolia*, *Brassica*, *Prunus*) wurde das Konzept bis zur Anwendungsreife weiterentwickelt. Nur vier Entscheidungsschritte sind notwendig, um aus einer Vielzahl in Europa verbreiteter Arten jene Vorkommen auszuwählen, für die der Ausbau eines genetischen Schutzareals erforderlich ist. Zur Unterstützung dieser Vier-Schritte-Methode wurden das Informationssystem „Population Level Information System“ (PLIS) und zur Dokumentation der Ergebnisse des Auswahlverfahrens das Informationssystem „Genetic Reserve Information System (GenResIS) entwickelt. In GenResIS sind detaillierte ökogeographische Informationen zu 52 genetischen Schutzgebieten und den darin vorkommenden Arten zu finden. Diese Schutzgebiete dienen nicht nur zur Bewahrung oder Wiederherstellung eines guten Erhaltungszustandes von Pflanzenarten in ihrem natürlichen Lebensraum, sondern auch der Erhaltung von Genen für die Pflanzenzüchtung, wie exemplarisch am Beispiel von *Beta vulgaris* subsp. *maritima* als Quelle der Resistenz gegen das Beet Necrotic Yellow Vein Virus (BNYVV) erläutert wird.

Stichwörter: Genetische Ressourcen, In-situ-Erhaltungsstrategie, genetische Schutzgebiete, Wildarten

Abstract

Despite their great potential as sources of novel genetic variation for plant breeding crop wild relatives are not protected sufficiently. International as well as national biodiversity strategies call therefore the implementation of the *in situ* conservation strategy, in particular for those species of immediate relevance to mankind. The genetic reserve concept was tested in the context of the AEGRO project, coordinated by the Julius Kühn-Institut, to operationalise the *in situ* conservation strategy and to develop the concept for the genera *Avena*, *Beta/Patellifolia*, *Brassica*, *Prunus* to the point that it can be put into use. Only four decision steps are required to determine those occurrences among the multitude of species distributed in Europe for which the establishment of a genetic reserve is essential. The information system “Population Level Information System” (PLIS) was developed to support the four step methodology; the “Genetic Reserve Information System” (GenResIS) was established to document the results of the selection procedure. GenResIS provides detailed ecogeographic information on 52 genetic reserves as well as on species occurring within these areas. The reserves do not only serve the protection or recovery of species in their natural habitat. They also serve the maintenance of genes for plant breeding as explained using *Beta vulgaris* subsp. *maritima*, the source of resistance against the Beet Necrotic Yellow Vein Virus (BNYVV), as an example.

Keywords: Genetic resources, in situ conservation strategy, genetic reserve, wild species

Einleitung

Mit unseren Kultur- und Nutzpflanzen verwandte Wildarten sind auch in ökonomischer Hinsicht wertvolle Ausgangsressourcen (HODGKIN und HAJJAR, 2008) für die Pflanzenzüchtung. Wildgerste (SCHOLZ *et al.*, 2008), Wildrüben (BIANCARDI *et al.*, 2012), Wildkartoffeln (THIEME *et al.*, 2012) und viele andere Arten nutzen Pflanzenzüchter als Ausgangsmaterial zur Einkreuzung spezifischer Eigenschaften sowie zur Erweiterung der genetischen Variation agronomischer Eigenschaften (z. B. SCHMALENBACH *et al.*, 2009). Obwohl das International Biological Programme (IBP) bereits in den 1970er Jahren die große Bedeutung von Wildpflanzenarten für die Erhaltung der Produktivität in der Landwirtschaft hervorhob und bereits damals auf die Bedrohung von Wildarten durch die fortschreitende Zerstörung ihrer Lebensräume hinwies (FRANKEL, 1970), wurden Wildpflanzenarten nur sporadisch gesammelt und in Genbanken konserviert. Erst zu Beginn des 21. Jahrhunderts beschloss die internationale Staatengemeinschaft angesichts des unverminderten Artenschwundes die Globale Strategie zur Erhaltung der Pflanzen mit dem Ziel, die Artenverlustrate zu vermindern (CBD, 2002). Der Schutz genetischer Vielfalt von Pflanzenarten wird auch in der Agrobiodiversitätsstrategie des BMELV (2007) als Ziel ausdrücklich genannt.

Eine Analyse der Daten von EURISCO, dem zentralen Inventar europäischer Sammlungen pflanzengenetischer Ressourcen, ergab, dass nur 9 % aller Genbankkzessionen zur Kategorie „Wildarten“ gehören (DIAS *et al.*, 2012). Mithin wird eine wichtige Ausgangsressource der Pflanzenzüchtung weder durch europäische Genbanken noch im Rahmen des Natur- und Artenschutzes ausreichend geschützt (MAXTED *et al.*, 1997). Deshalb entwickelte das „*In situ* and On-farm Conservation Network“ des Europäischen Kooperationsprogramms für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) eine Konzeption für die Erhaltung züchterisch wichtiger Wildpflanzenarten in Schutzgebieten und initiierte das EU-Projekt „An Integrated European *In Situ* Management Workplan: Implementing Genetic Reserve and On Farm Concepts“ (AEGRO, Laufzeit 2007 – 2011). Das Ziel des AEGRO-Projektes bestand in der beispielhaften Erprobung dieser Konzeption anhand ausgewählter Arten sowie in der Förderung der In-situ-Erhaltung landwirtschaftlich und gartenbaulich nutzbarer Arten. Dieser Beitrag beschreibt ein Verfahren für den Aufbau genetischer Schutzgebiete für wildlebende Verwandte unserer Kulturarten (WVK) und fasst die wesentlichen Ergebnisse des AEGRO-Projektes zusammen.

Definitionen

Im Artikel 5.1., d) des Internationalen Vertrages über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft vereinbarten die Vertragsparteien eine Förderung der „In-situ-Erhaltung von verwandten Wildarten der Nutzpflanzen und von Wildpflanzen für die Nahrungsmittelerzeugung – auch in Schutzgebieten“. In-situ-Erhaltung ist laut Art. 2 des Internationalen Vertrages die Erhaltung von Ökosystemen und natürlichen Lebensräumen sowie die Bewahrung und Wiederherstellung lebensfähiger Populationen von Arten in ihrer natürlichen Umwelt (BGBL, 2003). Die 10. Vertragsstaatenkonferenz zur Konvention über biologische Vielfalt (CBD) betont ebenfalls in ihrem strategischen Plan für den Zeitraum von 2011 – 2020 die Notwendigkeit zur Verbesserung des Erhaltungszustandes wildlebender Verwandter von Kulturarten innerhalb und außerhalb bestehender Schutzgebiete (CBD, 2010). Ein strategischer Entwurf kann keine konkreten Lösungsansätze für Probleme bieten. Vielmehr müssen diese im Rahmen der Operationalisierung der Strategie entwickelt werden. Hierfür ist eine Definition der Erhaltungsobjekte und ihrer hierarchischen Ordnung notwendig. Es gibt drei Hierarchieebenen der biologischen Vielfalt: die Ebene (1) der innerartlichen Vielfalt, (2) der Artenvielfalt und (3) der Vielfalt der Lebensgemeinschaften. Lebensgemeinschaften sind bestimmten Lebensraumtypen zugeordnet und stehen mit diesen in Wechselwirkung (OTT *et al.*, 2007).

Ein wichtiges Ziel der In-situ-Erhaltungsstrategie besteht in der Vermeidung oder Verminderung des Verlustes innerartlicher Vielfalt; denn ohne ausreichende genetische Vielfalt innerhalb von Populationen ist deren Anpassungsfähigkeit gefährdet. Nach Artikel 5.1. Abs. d) des Internationalen

Vertrages ist das Erhaltungsobjekt eine „wildlebende Verwandte von Kulturarten“ (WVK). Ob eine Art zur dieser Kategorie gehört, entscheidet der Grad ihrer Verwandtschaft mit einer Kultur- oder Nutzpflanzenart (MAXTED *et al.*, 2006). Als Entscheidungsgrundlage dient das Genpool-Konzept von HARLAN und DE WET (1971). Alle zum primären, sekundären und tertiären Genpool gehörenden Arten gelten danach als WVK (Abb. 1). Exemplarisch dargestellt sind WVK-Arten der Kulturrüben (Zucker- und Futterrübe sowie gartenbaulich genutzte Formen) und ihre Einordnung in den jeweiligen Genpool. Kreuzungsbarrieren zwischen dem primären, sekundären und tertiären Genpool erschweren die Einkreuzung von Eigenschaften aus Wildarten in die Kulturform. Je nach Ausprägung der Kreuzungsbarriere werden Arten in den primären (GP-1, keine oder sehr schwache Kreuzungsbarrieren), sekundären (GP-2, ausgeprägte Kreuzungsbarrieren) und tertiären (GP-3, Überwindung von Kreuzungsbarrieren sehr schwierig) Genpool eingeordnet.

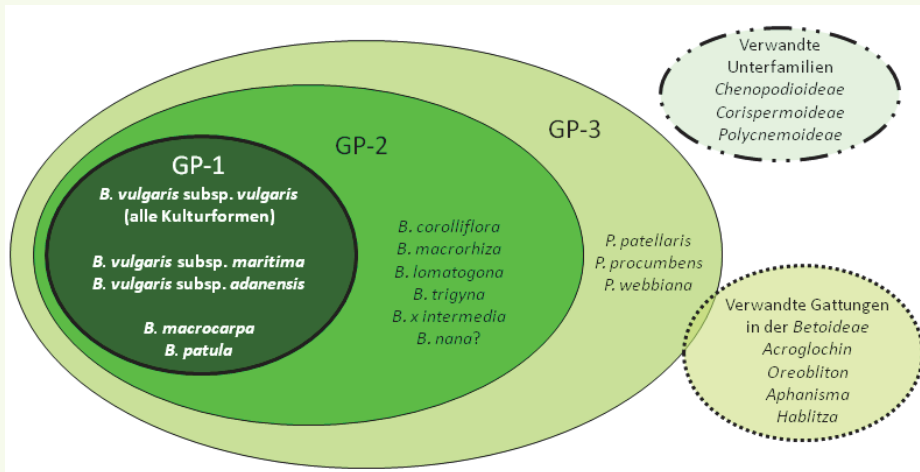


Abb. 1 Einteilung von Arten der Gattungen *Beta* und *Patellifolia* in GP-1, 2 oder 3 (nach JASSEM, 1992 sowie KADEREIT *et al.*, 2006)

Fig. 1 Classification of species of the genus *Beta* and *Patellifolia* into the primary (GP-1), secondary (GP-2) or tertiary (GP-3) gene pool (according to JASSEM, 1992 as well as KADEREIT *et al.*, 2006)

Für den Schutz innerartlicher Vielfalt entwickelten MAXTED *et al.*, (1997) das Konzept des genetischen Schutzgebietes. Ein genetisches Schutzgebiet ist definiert als Fläche, die für aktive und dauerhafte Erhaltungsmaßnahmen ausgewiesen wird und auf der Management und Monitoring der genetischen Diversität natürlich vorkommender Wildpopulationen erfolgen. Aus pragmatischen Gründen sollten genetische Schutzgebiete zunächst innerhalb bestehender, durch die Naturschutzgesetzgebung gesicherter Gebiete eingerichtet werden. Für den Schutz wichtiger Wildpflanzenpopulationen außerhalb gesetzlich geschützter Gebiete besteht eine Notwendigkeit, wie OETMANN (1994) für *Lolium perenne* darstellte, jedoch fehlt eine Konzeption für die fachpraktische Umsetzung damit verbundener Maßnahmen.

Identifizierung genetischer Schutzgebiete

In der euro-mediterranen Region sind 30.983 Pflanzenarten bekannt. Davon gelten 23.483 als nutzbare oder potenziell nutzbare Arten (KELL *et al.*, 2008). Angesichts dieser Zahlen erscheinen Maßnahmen zum Schutz individueller Vorkommen einer spezifischen Art als ein nicht realistisches Unterfangen. Untersuchungen von MAXTED *et al.* (2007) zeigen indes, dass 66 % der 226 in England heimischen WVK-Arten in nur 17 Schutzgebieten vorkommen, mithin wenige Institutionen

populationserhaltende oder – stärkende Pflegemaßnahmen bei ausgewählten WVK durchführen müssten.

Da die Kapazitäten für Artenschutzmaßnahmen begrenzt sind, gilt es, jene WVK-Vorkommen zu identifizieren, die besonders schützenswert sind. Zu diesem Zweck entwickelten KELL *et al.* (2012) ein Verfahren, welches in vier Schritten zur Auswahl von Vorkommen und Flächen für genetische Schutzgebiete führt.

Zuordnung von Taxa zu einem Genpool (Schritt 1)

Der erste Schritt besteht in der Auflistung von Arten und die Zuordnung klar voneinander abgrenzbarer Taxa zu einem Genpool. Hierfür wurden aus Veröffentlichungen und Datenbanken wie EURSICO, den ECCDB und GBIF Informationen zu Arten der Gattungen *Avena*, *Beta/Patellifolia*, *Brassica* und *Prunus* zusammengetragen, harmonisiert und analysiert. Diese zwingend erforderlichen informationstechnischen Vorarbeiten erwiesen sich als außerordentlich zeitaufwändig, weil die Datenquellen unterschiedlich strukturiert und die Qualität der Daten eine teils manuelle Aufbereitung erforderte. Dies betraf sowohl die Fundortbeschreibungen als auch die taxonomischen Bezeichnungen. Letztere mussten zunächst in akzeptierte Artnamen und ihre Synonyme aufgeteilt werden. Die Tab. 1 zeigt zur Illustration dieses Arbeitsschrittes die im AEGRO-Projekt verwendeten akzeptierten Taxa der Gattungen *Beta* und *Patellifolia*. Das verwendete System entspricht mit geringen Abweichungen dem System für die Gattungen *Beta/Patellifolia* des USDA/ARS (2012). Nach der Festlegung eines taxonomischen Systems folgte der zweite Entscheidungsschritt.

Tab. 1 Im AEGRO-Projekt verwendetes taxonomisches System für Arten der Wild- und Kulturrübe.

Tab. 1 *Taxonomic system for species of cultivated and wild beets used in the AEGRO project.*

Beta macrocarpa Guss.
Beta patula Aiton
Beta vulgaris subsp. *vulgaris*
Beta vulgaris subsp. *maritima* (L.) Arcang.
Beta vulgaris subsp. *adanensis* (Pamukç. ex Aellen) Ford-Lloyd & J. T. Williams
Beta corolliflora Zosimovic ex Buttler
Beta macrorhiza Steven
Beta lomatogona Fisch. & C. A. Mey.
Beta trigyna Waldst. & Kit.
Beta × *intermedia* Bunge
Beta nana Boiss. & Heldr.
Patellifolia procumbens (C. Sm.) A. J. Scott et al.
Patellifolia patellaris (Moq.) A. J. Scott et al.
Patellifolia webbiana (Moq.) A. J. Scott

Bildung einer Prioritätenliste für Taxa eines Genpools (Schritt 2)

Zur Ermittlung der Position (Grad der Schutzbedürftigkeit) einer Art auf der Rangfolgenliste können ethische, rechtliche, ökonomische, demographische, geographische und genetische Kriterien herangezogen werden. Im Rahmen von Fallstudien wurde die Dringlichkeit von Schutzmaßnahmen für in Europa heimische Arten der Gattungen *Avena*, *Beta*, *Brassica* ermittelt. Die Ergebnisse zeigen, dass in der Regel solche Arten ausgewählt wurden, die nach den IUCN-Kriterien als gefährdet gelten. Von den 14 in Tab. 1 genannten Taxa wurde 4 *Beta*- und 2 *Patellifolia*-Arten auf die Prioritätenliste gesetzt und der Aufbau genetischer Schutzgebiete für diese Arten vorgeschlagen.

Analyse der Diversität innerhalb ausgewählter Taxa (Schritt 3)

Innerhalb einer Art gilt es, Vorkommen im Verbreitungsareal zu finden, die zusammen die innerartliche Vielfalt einer Art repräsentieren. Hierzu sind systematische ökogeographische Studien, wie sie beispielsweise VON BOTHMER *et al.* (1991) für *Hordeum* vornahmen, sowie Untersuchungen zur räumlichen Verteilung genetischer Diversität von Arten eines Genpools notwendig (z. B. LETSCHERT, 1993). Im Rahmen des AEGRO-Projektes standen keine Kapazitäten für systematische Studien zur Verfügung. Vielmehr musste die Auswahl von Vorkommen auf der Grundlage von vorhandenem Wissen vorbereitet werden.

Bereits MARSHALL und BROWN (1975) befassten sich mit der Frage, wie eine Art zur Sicherung ihrer genetischen Variation zu bemustern sei. Sie unterteilten Allele in häufige und seltene sowie weit oder lokal verbreitete. Von besonderem Interesse für die Erhaltung innerartlicher Vielfalt ist die Gruppe der nur lokal – aber dort häufig – vorkommenden Allele, die auf eine Anpassung von Vorkommen einer Art an spezifische Standortbedingungen hinweisen. Im Fall der 4 *Beta*- und 2 *Patellifolia*-Arten erfolgte die Auswahl von Vorkommen auf der Grundlage von Daten zu Standorten, die von Sammlern genetischer Ressourcen aufgezeichnet und in der Internationalen Datenbank für *Beta* (IDBB) dokumentiert wurden. Ferner wurden Vorkommen aus klimatisch unterschiedlichen Verbreitungsarealen in die engere Wahl genommen und Kenntnisse über genetische Unterschiede zwischen Vorkommen einer Art mit berücksichtigt (FRESE *et al.*, 2011)

Für die Auswahl von genetischen Schutzgebieten für *Beta nana* wurden die vorläufigen Ergebnisse der Analyse genetischer Diversität dieser Species mit 3 SSR-Markern (PANELLA *et al.*, 2010) verwendet, weil keine weiteren nutzbaren genetischen Informationen über diese seltene Wildart zur Verfügung standen. Eine Analyse der genetischen Diversität bei *Beta patula* mit Hilfe von 25 SSR-Markern zeigte Unterschiede zwischen geographisch isolierten Vorkommen. Die Ergebnisse dienten als Grundlage für die Auswahl und Planung eines Schutzgebietes (FRESE *et al.*, 2012) für diese gefährdete Art (BILZ *et al.*, 2011). Durch die Analyse genetischer Diversität einer Pflanzenart mittels SSR-Markern können Strukturen genetischer Diversität sichtbar gemacht und Maßnahmen zum Schutz von Vorkommen abgeleitet werden (GREGORIUS *et al.*, 2004).

Identifizierung geeigneter Flächen (Schritt 4)

In einem abschließenden Schritt wurde geprüft, ob die ausgewählten Vorkommen innerhalb von Natura-2000-Flächen auftreten. Zu diesem Zweck wurden mit Hilfe eines GIS-Systems die punktgenauen geographischen Fundortdaten dieser Vorkommen mit den Flächenkoordinaten von Natura-2000-Flächen verschnitten. Bei den Gattungen *Beta* bzw. *Patellifolia* gelang es, insgesamt 26 Vorkommen innerhalb geschützter Gebiete zu identifizieren.

Aufbau und Ausbau eines europäischen Netzwerkes

Für die Gattungen *Avena*, *Beta*/*Patellifolia*, *Brassica* und *Prunus* wurden insgesamt 61 Vorkommen nach der 4-Schritte-Methode von KELL *et al.* (2012) für den Aufbau eines Netzwerkes genetischer Schutzgebiete vorgeschlagen. Davon befinden sich 53 innerhalb und 4 Vorkommen außerhalb von Schutzgebieten (IRIONDO *et al.*, 2011). In einem Schutzgebiet kann mehr als ein ausgewähltes Vorkommen auftreten. Abb. 2 zeigt die Lage der insgesamt 52 Flächen auf dem Gebiet der Europäischen Union.

An der Durchführung des AEGRO-Projektes waren ausschließlich Forschungseinrichtungen beteiligt, die konzeptionelle und methodische Vorarbeiten leisteten und Vorschläge für den Aufbau genetischer Schutzgebiete im Rahmen von Fallstudien begründeten (KELL *et al.*, 2012). Die konkrete Planung und der Aufbau genetischer Schutzgebiete, fällt in den Zuständigkeitsbereich von Naturschutzbehörden, die ordnungsrechtlichen Rahmenbedingungen für ein genetisches Schutzgebiet klären (siehe z. B. KRISTIANSEN und FRESE, 2011) sowie Aktionspläne für den Aufbau und die Bewirtschaftung genetischer Schutzgebiete z. B. in Zusammenarbeit mit Vertretern nationaler

Fachprogramme für pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft oder den fruchtartsspezifischen Arbeitsgruppen des ECPGR weiterentwickeln können (siehe z. B. PINHEIRO DE CARVALHO und FRESE, 2011).

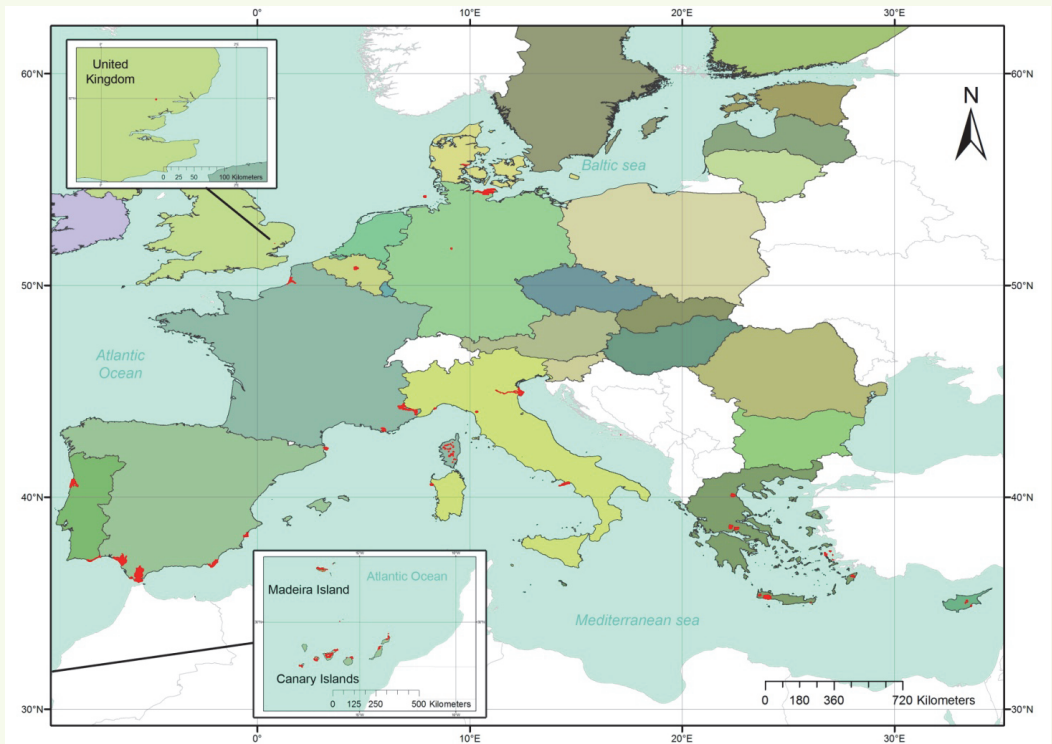


Abb. 2 Lage der vorgeschlagenen Flächen für genetische Schutzgebiete in der Europäischen Union (Quelle: Rey Juan Carlos Universität, Madrid, Spanien)

Fig. 2 Location of the proposed sites for genetic reserves within the European Union (sources: Rey Juan Carlos University, Madrid, Spain)

Gezielte Eingriffe in Schutzgebiete zur Vermeidung von Beeinträchtigungen eines ausgewählten Vorkommens verursachen Kosten. Durch den gleichzeitigen Schutz mehrerer WVK-Arten innerhalb einer Fläche könnten die verfügbaren Mittel für das Management genetischer Schutzgebiete effizienter genutzt werden. Deshalb prüfte IRIONDO (2011), ob Arten der Gattungen *Avena*, *Beta/Patellifolia*, *Brassica* und *Prunus* sowie weitere WVK-Arten gemeinsam in ausgewählten Schutzgebieten auftreten. Abb. 3 zeigt exemplarisch das Natura-2000-Gebiet Cabo de Gata – Níjar (ES0000046), vorgeschlagen für den Aufbau eines genetischen Schutzgebietes für *Beta macrocarpa* in Südostspanien, in dem drei priorisierte Wildrübenarten und je eine nicht-priorisierte Art der Gattungen *Avena* und *Brassica* zu finden sind. Diese und weitere Informationen zu den 52 vorgeschlagenen genetischen Schutzgebieten sind im „Genetic Reserve Information System“ (GenResIS, 2012) zu finden.

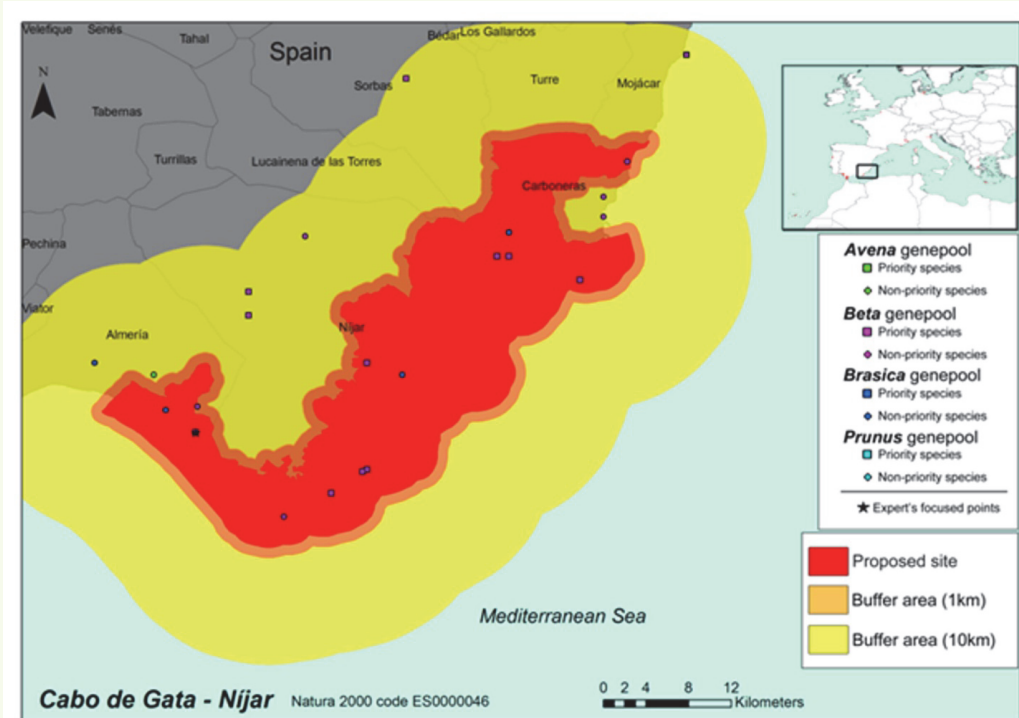


Abb. 3 Lage von WVK-Vorkommen der Gattungen *Avena*, *Beta*, *Brassica* im Natura-2000-Schutzgebiet Cabo de Gata – Níjar (ES0000046) bzw. in der 10-km-Pufferzone (GenResIS, 2012)

Fig. 3 Location of CWR occurrences of the genera *Avena*, *Beta*, *Brassica* in the Natura 2000 protected area Cabo de Gata – Níjar (ES0000046) respectively in the 10 km buffer zone (GenResIS, 2012)

Ausblick und Schlussfolgerungen

Das Auftreten von WVK-Arten innerhalb von Schutzgebieten garantiert noch nicht einen guten Erhaltungszustand dieser Arten, weil in der Vergangenheit die Ausweisung von Natura-2000-Gebieten oftmals aus anderen naturschutzfachlichen Gründen erfolgte. So wurde die Einrichtung des Naturschutzgebietes P1532-325 auf der Insel Fehmarn beschlossen, um den Fortbestand der gefährdeten Rotbauchunke zu sichern, nicht jedoch zur Förderung dort verbreiteter WVK-Arten (FRESE, 2006). Bei konkurrierenden Schutzziele innerhalb eines Natura-2000-Gebietes müssen gegebenenfalls durch Änderungen der Maßnahmenpläne die Voraussetzungen für die Erhaltung von WVK-Arten optimiert werden, ohne andere Arten zu beeinträchtigen, oder es müssen alternative Flächen für den Aufbau eines genetischen Schutzgebietes gesucht werden. Entscheidungen, die den Erhaltungszustand einer WVK-Art verbessern, können durch die zuständigen Naturschutzbehörden umso besser begründet werden, je mehr über den Wert eines Vorkommens bekannt ist.

Die Pflanzenzüchtungsforschung bewertet Genbankakzessionen von Wildarten im Rahmen von Evaluierungsarbeiten. Ist die geographische Herkunft von Akzessionen dokumentiert, so können Rückschlüsse auf den Nutzwert wildlebender Vorkommen gezogen werden. Abb. 4 zeigt die Verbreitung von Wildrüben sowie die Bewertung dieser Ausgangsressourcen für die Züchtung der Kulturrüben auf Resistenz gegen das Beet Necrotic Yellow Vein Virus (BNYVV). Im Rahmen des AEGRO-Projektes wurde die Einrichtung eines genetischen Schutzgebietes für *Beta vulgaris* subsp. *maritima* bei Kalundborg vorgeschlagen, weil die Resistenz gegen BNYVV aus einem Vorkommen

abstammt, das US-amerikanische Wissenschaftler im Jahr 1952 in diesem Teil Dänemarks sammelten. Die Herkünfte gingen unter der Bezeichnung WB41 und WB42 in die Züchtungsgeschichte ein (BIANCARDI *et al.*, 2012). Eine weitere Quelle ist das Muster RNR870909, das vom Institut für Zuckerrübenforschung im Jahr 1995 als BNYVV-resistent bewertet wurde (BÜTTNER *et al.*, 1997). RNR870909 stammt von einem Muster C ab, welches niederländische Forscher bei Brighton in der Picardie im Jahr 1970 fanden. Mit den Resistenzgenen *Rz1* bis *Rz5* kann das BNYVV derzeit noch unter Kontrolle gehalten werden. Resistenzzüchter sind dennoch bestrebt, ein möglichst diverses Resistenzgensortiment bereitzuhalten (BIANCARDI *et al.*, 2012), da unterschiedliche Typen des BNYVV in Zuckerrübenanbaugebieten auftreten (KOENIG *et al.*, 1997). Neue genetische Variation für das Merkmal BNYVV-Resistenz würde man vorzugsweise im Herkunftsgebiet der *Rz*-Gene bei Brighton und Kalundborg suchen.



Abb. 4 Vorkommen von Wildrüben (überwiegend *B. vulgaris* subsp.). Die Farben der Symbole kennzeichnen die Bewertung der Resistenz gegen BNYVV auf einer Skala von 1 bis 9. 1= grün= sehr geringer Befall; 9= rot= sehr starker Befall (IDBB, 2010)

Fig. 4 Occurrences of wild beets (mainly *B. vulgaris* subsp.). The color of the symbols indicate the degree of resistance against BNYVV on a scale from 1 to 9. 1= green = very low infestation; 9= red= very high infestation (IDBB, 2010)

Im Rahmen des EU-Projektes „An Integrated European In Situ Management Workplan: Implementing Genetic Reserve and On Farm Concepts“ konnten das „Population Level Information System“ (PLIS) für die Gattungen *Avena*, *Beta/Patellifolia*, *Brassica* und *Prunus* (GERMEIER *et al.*, 2012) zur Unterstützung des In-situ-Managements von WVK sowie Verfahren zur Identifizierung, dem Aufbau und Ausbau genetischer Schutzgebiete entwickelt werden. Am Beispiel des Schutzgebietes Cabo de Gata konnte gezeigt werden, wie – ausgehend vom einzelnen Vorkommen der Zielart *Beta macrocarpa*, welches für die Erhaltung der innerartlichen Vielfalt (Ebene 1) ausgewählt wurde – auch der Schutz von Artenvielfalt (Ebene 2) bzw. Lebensgemeinschaften (Ebene 3) gefördert werden kann.

Ein nachhaltiger Schutz genetischer Ressourcen durch einen verbesserten Schutz ihrer Lebensräume ist eine staatliche Vorsorgemaßnahme, die sich langfristig lohnt. Im AEGRO-Projekt gewonnene

Erfahrungen können vom Beratungs- und Koordinierungsausschuss für pflanzengenetische Ressourcen des BMELV aufgegriffen und für die Umsetzung von Maßnahmen des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen verwendet werden.

Danksagung

Das EU-Projekt "An integrated European *in situ* management work plan: implementing genetic reserves and on farm concepts" (AEGRO), AGRI GENRES 057, wurde im Rahmen der Richtlinie (EC) No. 870/2004 durch die EU-Kommission, DG AGRI, kofinanziert.

Literatur

BGBL [Bundesgesetzblatt], 2003: Gesetz zu dem Internationalen Vertrag vom 3. November 2001 über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft vom 10. September 2003. Bundesgesetzblatt Jahrgang 2003 Teil II Nummer 23, ausgegeben zu Bonn am 16. September 2003, 906-944.

BIANCARDI, E., L. W. PANELLA und R. T. LEWELLEN, 2012: *Beta maritima*. The origin of beets. Springer, New York, Dordrecht, Heidelberg, London.

BILZ, M., S. KELL, N. MAXTED und R. V. LANSDOWN, 2011: European Red List of Vascular Plants. Luxembourg, Publications Office of the European Union.

BMELV (Hrsg.), 2007: Agrobiodiversität erhalten, Potenziale der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft erschließen und nutzen. Eine Strategie des BMELV für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt für die Ernährung, Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft. Bonn, BMELV.

BÜTTNER, G., L. FRESE und G. STEINRÜCKEN, 1997: Selektion von *Rizomania*-Resistenzgenen aus Wildrüben (*Beta vulgaris* L.). In: *Beiträge und Poster von IIRB-Kongressen 5/1997*. Hrsg.: Institut für Zuckerrübenforschung (Göttingen), International Institut for Sugar Beet Research (Brussels), Göttingen, Cuvillier, 1-11.

CBD, 2002: Global Strategy for Plant Conservation. Published by the Secretariat of the Convention on Biological Diversity, Quebec, Canada.

CBD, 2010: Conference of the parties to the Convention on Biological Diversity, Tenth meeting Nagoya, Japan, 18-29 October 2010. Decision adopted by the conference of the Parties to the convention on biological diversity at its tenth meeting. **X/2**. The Strategic Plan for Biodiversity 2011 –2020 and the Aichi Biodiversity Targets.

DIAS, S., M. E. DULLOO und E. ARNAUD, 2012: The role of EURISCO in promoting use of agricultural biodiversity. In: *Agrobiodiversity Conservation: Securing the diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. Eds.: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO und M. Å. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, UK, CABI Publishing, 270-277.

FRANKEL, O. H., 1970: Genetic conservation of plants useful to man. *Biol. Conser.* **2**, 162-169.

FRESE, L., 2006: Political, legislative and practical aspects of *in situ* conservation in Germany in the context of genetic erosion. In: *Genetic Erosion and Pollution Assessment Methodologies. Proceedings of PGR Forum Workshop 5, Terceira Island, Autonomous Region of the Azores, Portugal, 8 – 11 September 2004*. Eds.: FORD-LLOYD, B. V., S. DIAS, und E. BETTENCOURT, published on behalf of the European Crop Wild Relative Diversity Assessment and Conservation Forum, by Bioersity International, Rome, Italy, 15-24.

FRESE, L., M. Å. A. PINHEIRO DE CARVALHO und C. DUARTE, 2011: Crop case study *Beta* L. (including *Patellifolia* A. J. Scott *et al.*). Annex 07 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt (<http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012)).

FRESE, L., M. NACHTIGALL, M. ENDERS und M. Å. A. PINHEIRO DE CARVALHO, 2012: *Beta patula* Ait. genetic diversity analysis. In: *Agrobiodiversity Conservation: Securing the diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. Eds.: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO und M. Å. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, UK, CABI Publishing, 45-51.

GENRESIS, 2012: Genetic Reserve Information System, <http://www.agrobiodiversidad.org/aegro/> (aufgerufen am 4. Mai 2012).

GERMEIER, C. U., J. M. IRIONDO, L. FRESE, C. HÖHNE und S. P. KELL, 2012: Population level information management for crop wild relatives. In: *Agrobiodiversity Conservation: Securing the diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. Eds.: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO und M. Å. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, UK, CABI Publishing, 256-263.

GREGORIUS, H. R., B. HARLIZIUS und J. ENGELS, 2005: Zusammenfassende Diskussion und Schlussfolgerungen des Beirates für Biodiversität und genetische Ressourcen beim BMELV. In: *Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen. Tagungsband eines Symposiums am 27. September 2004 in Mariensee, Neustadt am Rbge. Schriften zu Genetischen Ressourcen. Schriftenreihe der ZADI-IBV, Band 24*. Hrsg.: BEGEMANN, F., SCHRÖDER, S. und S. WEIGEND, Bonn, XI-XVII.

Harlan, J. und J. de Wet, 1971: Towards a rational classification of cultivated plants. *Taxon*, **20**, 509-517.

- HODGKIN, T. und R. HAJJAR, 2008: Using crop wild relative for crop improvement: trends and perspectives. In: *Crop Wild Relative Conservation and Use*. Eds.: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. P. KELL, J. IRIONDO, E. DULLOO und J. TUROK, Wallingford, CABI Publishing, 535-548.
- IDBB, 2010: Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, International Database for Beta (IDBB), <http://idbb.jki.bund.de> (aufgerufen am 05.05.2010).
- IRIONDO, J. M., 2011: Synthesis of proposed sites report. Annex 16 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012).
- IRIONDO, J. M., 2011: CWR umbrella conservation approach. Annex 9_2 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012).
- JASSEM, B., 1992: Species relationships in the genus *Beta* as revealed by crossing experiments. In: *International Beta Genetic Resources Network. A report on the 2nd International Beta Genetic Resources Workshop held at the Institute for Crop Science and Plant Breeding, Braunschweig, Germany, 24 – 28 June 1991. International Crop Network Series No. 7.*, Ed.: L. FRESE, Rome, IBPGR, 55-61.
- KADEREIT, G., S. HOHMANN und W. KADEREIT, 2006: A synopsis of *Chenopodiaceae* subfam. *Betoideae* and notes on the taxonomy of *Beta*. *Willdenowia* **36**, 9-19.
- KELL, S. P., H. KNÜPFER, S. L. JURY, B. V. FORD-LLOYD und N. MAXTED, 2008: Crops and wild relatives of the Euro-Mediterranean region: making and using a conservation catalogue. In: *Crop Wild Relative Conservation and Use*. Eds.: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. P. KELL, J. IRIONDO, E. DULLOO und J. TUROK, Wallingford, CABI Publishing, 69-109.
- KELL, S. P., N. MAXTED, L. FRESE und J. M. IRIONDO, 2012: *In situ* conservation of crop wild relatives in Europe: a strategy for identifying priority genetic reserve sites. In: *Agrobiodiversity Conservation: Securing the diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. Eds.: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO und M. Á. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, UK, CABI Publishing, 7-19.
- KOENIG, R., A. M. HAEBERLE und U. COMMANDEUR, 1997: Detection and characterization of adistinct type of beet necrotic yellow vein virus RNA 5 in a sugarbeet growing area in Europe. *Archives of Virology* **142**, 1499-1504.
- KRISTIANSEN, K. und L. FRESE, 2011: The legal framework and action plans relevant to the establishment of a genetic reserve in Denmark. Annex 9 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012).
- LETSCHERT, J. P. W., 1993: *Beta* section *Beta*: biogeographical patterns of variation and taxonomy. *Wageningen University Papers*, 93-1.
- MARSHALL, D. R. und A. H. D. BROWN, 1975: Optimum sampling strategies in genetic conservation. In: *Crop genetic resources for today and tomorrow*. Eds.: FRANKEL, O. H. und J. G. HAWKES, International Biological Programme 2, Cambridge, Cambridge University Press, 53-80.
- MAXTED, N., J. G. HAWKES, B. V. FORD-LLOYD und J. T. WILLIAMS (Hrsg.), 1997: A practical model for *in situ* genetic conservation. In: *Plant Genetic Conservation: The In Situ Approach*. Eds.: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD und J. G. HAWKES, Chapman and Hall, London, 339-367.
- MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. L. JURY, S. P. KELL und M. A. SCHOLTEN, 2006: Towards a definition of a crop wild relative. *Biodiversity and Conservation* **15/8**, 2673-2685.
- MAXTED, N., M. SCHOLTEN, R. CODD und B. V. FORD-LLOYD, 2007: Creation and use of a national inventory of crop wild relatives. *Biological Conservation* **140**, 142-159.
- OETMANN, A., 1994: Untersuchungen zur intraspezifischen phänotypischen Variabilität autochthoner Weidelgrasherkünfte (*Lolium perenne* L.) und ihre Bedeutung für die Erhaltung wertvoller Standorte vor Ort (in situ). Dissertation, Kassel.
- OTT, K., H. R. GREGORIUS und I. KISSLING, 2007: Biodiversität als Lebensgrundlage-Grundprinzipien zu Schutz und Nutzung. In: *Biodiversität-Schlüsselbegriff des Naturschutzes im 21. Jahrhundert*. Hg.: T. Potthast, BfN, Bonn-Bad Godesberg, 185-222.
- PANELLA, L., A. FENWICK, L. FRESE, B. HELLIER, und C. M. RICHARDS, 2010: Genetic diversity within and among occurrences of *Beta nana*. *Book of abstracts. 72nd IIRB Congress – 72ème Congrès de l'IIRB – 72. IIRB Congress, 22 – 24/06/2010*, Copenhagen, Denmark.
- PINHEIRO DE CARVALHO M. Á. A. und L. FRESE, 2011: *Beta patula* Aiton genetic reserve action plan. Annex 10 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012).
- SCHMALENBACH, I., J. LÉON, und K. PILLEN, 2009: Identification and verification of QTLs for agronomic traits using wild barley introgression lines. *Theor. Appl. Genet.* **118**, 483-497.
- SCHOLZ, M., B. RUGE-WEHLING, A. HABEKUß, G. PENDINEN, O. SCHRADER, K. FLATH, E. GROBE und P. WEHLING, 2008: The secondary gene pool of barley as gene donors for crop improvement. In: *Using crop wild relative for crop improvement: trends and perspectives*. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. P. KELL, J. IRIONDO, E. DULLOO und J. TUROK (Eds.) *Crop Wild Relative Conservation and Use*. CABI Publishing, Wallingford, 535-548.
- THIEME, R., T. HAMMANN und M. NACHTIGALL, 2012: Genetische Diversität für die Widerstandsfähigkeit gegen Schaderreger bei Kartoffel. *Julius-Kühn Archiv*, in diesem Heft
- USDA, ARS, National Genetic Resources Program. Germplasm Resources Information Network - (GRIN) [Online Datenbank], 2012: National Germplasm Resources Laboratory, Beltsville, Maryland. http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/tax_search.pl (aufgerufen am 03. Mai 2012).
- VON BOTHMER, R., N. JACOBSEN, C. BADEN, R. B. JØRGENSEN und I. LINDE-LAURSEN, 1991: *An ecogeographical study of the genus Hordeum. Systematic and ecogeographical studies on crop gene pools* **7**. Rome, IPBGR.