

## Inwertsetzung pflanzengenetischer Ressourcen des Hafers - ein Beitrag zur Kulturartenvielfalt in der Landwirtschaft

*Maintenance and development of plant genetic resources for oat improvement – an input to agricultural diversity*

Christoph Germeier und Matthias Herrmann  
Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen  
Erwin-Baur-Str. 27; 06484 Quedlinburg.  
E-Mail: Christoph.germeier@jki.bund.de; Tel. 0394647702

DOI: 10.5073/jka.2012.436.021

### Zusammenfassung

Im Rahmen einer unter dem EU-Programm 870/2004 geförderten konzertierten europäischen Aktion „Avena - Genetische Ressourcen für die menschliche Ernährung (AVEQ)“ wurden für den Gesundheitswert in der menschlichen Ernährung relevante Qualitätsmerkmale, Resistenz gegen *Fusarium* und Mykotoxinkontamination sowie Kältetoleranz bei einer großen Vielfalt an genetischen Ressourcen des Hafers untersucht. Im Feld wurden an mehreren über Europa verteilten Standorten agronomisch wichtige Merkmale erhoben. Im Labor wurden Protein- und Fettgehalte, Rohfaser und  $\beta$ -Glucangehalt, Mineralstoffe, Antioxidantien und Mykotoxine mit Standardmethoden der Lebensmittelchemie erfasst. Besonders hohe  $\beta$ -Glucangehalte erreichen die diploiden Wildarten *A. damascena* und *A. wiestii*. Doch auch im hexaploiden *Avena*-Genpool wurden erhebliche Variationsbreiten für die untersuchten Qualitätsmerkmale gefunden. Die Dokumentation der Ergebnisse erfolgt durch JKI-ZL im Rahmen der Europäischen *Avena* Datenbank. Die züchterische Erschließung interessanter Merkmale aus der biologischen Vielfalt innerhalb der Gattung *Avena* wird am Beispiel der Mehлтаuresistenz und des  $\beta$ -Glucangehalts dargestellt.

**Stichwörter:** *Avena*, Qualität, genetische Ressourcen,  $\beta$ -Glucan, Antioxidantien, Mykotoxin, prebreeding

### Abstract

In modern plant breeding programmes genetic variation is often not sufficient to reach certain trait combinations. To guard against such situations, plant genetic resources are evaluated and developed via backcrossing programmes with modern cultivars. In a European concerted action with 15 partners in nine European countries genebank material and current commercial varieties were evaluated for traits considered important for future oat breeding in a European premium market. These are quality traits as protein-, fat- and  $\beta$ -glucan content, avenanthramides, resistance to contamination by mycotoxins and tolerance to cold. Relatively high values for  $\beta$ -glucan content were found in wild *A. damascena* and *A. wiestii* accessions. But also within the hexaploid *Avena* genepool large ranges for each trait were found. Results are documented within the European *Avena* Database (EADB). The development of genetic resources is demonstrated for powdery mildew resistance and the  $\beta$ -glucan content.

**Keywords:** *Avena*, quality, genetic resources,  $\beta$ -glucan, avenanthramides, mycotoxin, prebreeding

### Einleitung

Die Veränderungen in der Agrarlandschaft in Deutschland innerhalb der vergangenen 50 Jahre sind durch eine Zunahme von wenigen besonders rentablen Kulturen wie Weizen, Raps, Zuckerrüben und Mais gekennzeichnet, wogegen andere Arten wie Leguminosen oder Hafer – die gleichwohl wertvolle und einzigartige Ökosystemleistungen erbringen könnten – zunehmend verdrängt werden. Diese Entwicklung ist sowohl von politischen Rahmenbedingungen als auch der Nachfrage in Abhängigkeit von der Kaufkraft etc. marktwirtschaftlich beeinflusst. Der Hafer gilt aufgrund seiner besonderen Inhaltsstoffe als unser ernährungsphysiologisch wertvollstes Getreide (HAMPSHIRE 1998). Hier sind vor

allein die Schleimstoffe („Hafereschleim“, d. h. (1->3)(1->4)- $\beta$ -D-Glucan) zu nennen. Aufgrund ihrer cholesterinsenkenden Wirkung können seit 2011 auch in der EU Haferprodukte als gesundheitsfördernd beworben werden (Europäische Kommission 2011). In neuerer Zeit sind vor allem antioxidative Inhaltsstoffe wie Tocole (Vitamin E) und Avenanthramide, eine für Hafer charakteristische, auch als Phytoalexin wirksame Stoffklasse (Dimberg et al. 1993), von Interesse. Das Protein des Hafers ist durch den vergleichsweise hohen Gehalt an essenziellen Aminosäuren wie Lysin, Methionin und Threonin wertiger als jenes anderer Getreidearten und auch die Haferlipide zeichnen sich durch vorteilhafte hohe Anteile mehrfach ungesättigter Fettsäuren aus. Der Wert des Hafers sowohl in der Tierfütterung als auch in der menschlichen Ernährung rechtfertigt deshalb eine forschungspolitische Förderung, um die Konkurrenzfähigkeit des Haferanbaus in Europa zu stärken, eine weitere Verdrängung aus den Fruchtfolgen zu verhindern und damit die Agrobiodiversität zu erhalten.

Um neue Genvarianten relevanter Merkmale in die Sortenentwicklung einführen zu können, werden Genbanksortimente evaluiert und geeignete Akzessionen über wiederholte Rückkreuzungen mit Hochleistungsmaterial erschlossen. Dieser Prozess der züchterischen Erschließung wertvoller Merkmalsgene aus der biologischen Vielfalt kann durch die Kenntnis der Vererbung der betreffenden Merkmale und die Verfügbarkeit von einfach und schnell erfassbaren molekularen Markern wesentlich erleichtert werden. Die vom EU-Programm 870/2004 geförderte und vom Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, koordinierte konzertierte Aktion „Avena - Genetische Ressourcen für die menschliche Ernährung (AVEQ)“ beschäftigt sich mit der Evaluierung, Charakterisierung und Dokumentation der gesammelten Vielfalt an genetischer Ressourcen des Hafers. Das Verbundprojekt ist auf Qualitätsmerkmale des Haferkerns fokussiert, die für den Gesundheitswert in der menschlichen Ernährung relevant sind. Zwei weitere im AVEQ-Projekt erfasste Merkmale sind die Kältetoleranz und die Kontamination mit Mykotoxinen.

#### Evaluierung im Feld

Innerhalb von zwei Feldversuchsjahren wurden an sieben über Europa verteilten Standorten insgesamt über 600 Akzessionen angebaut. Im Feld wurden Merkmale wie Bestandesdichte, Wuchshöhe, Ertrag, Zeitigkeit, Resistenz gegen Blattkrankheiten und *Fusarium*, Risprototyp, Korngewicht, Hektolitergewicht, Spelzengehalt und Kornfarbe erfasst.



**Abb. 1** Feldversuchs- und Analysenstandorte im europäischen Kooperationsprojekt AVEQ. Grün: Feldversuche zur Ernte von Material für die Qualitätsanalytik, violett: Feldversuche mit *Fusarium*-Inokulation; Gelb: Analysestandorte; blau: Projektkoordination

**Fig. 1** Location of field experiments and of analytical laboratories in the European concerted action AVEQ. Green: field experiments to harvest sample material for quality analyses, violet: field experiments with *Fusarium*-inoculation; yellow: analytical labs; blue: project coordination

### Evaluierung im Labor

Im Labor wurden Protein- und Fettgehalte, Rohfaser und  $\beta$ -Glucangehalt, Mineralstoffe, Antioxidantien (Tocole = Vitamin E, Avenantramide), und Mykotoxine mit Standardmethoden der Lebensmittelchemie erfasst. Tab. 1 zeigt Merkmale mit besonderer Bedeutung für den Gesundheitswert von Haferprodukten. Hier zeigt sich häufig, dass ursprüngliche Formen mit geringem Ertrag und Korngewicht höhere Gehalte an solchen Inhaltsstoffen haben. Im Mittel fanden sich im Sandhafer (*A.strigosa*), einer diploiden Kulturform, die heute nur noch unter marginalen Anbaubedingungen kultiviert wird, deutlich höhere Gehalte sowohl an  $\beta$ -Glucan wie an Antioxidantien als im hexaploiden Saathafer. Moderne und alte Sorten zeigten nur tendenzielle Unterschiede. Besonders hohe  $\beta$ -Glucangehalte erreichen die diploiden Wildarten *A. damascena* und *A. wiestii* mit 6,8 % TM bzw. 6,6 % TM. Für den Pflanzenzüchter sind weniger die Mittelwerte, sondern vor allem die Variationsbreiten von Bedeutung. Hier zeigt auch der Saathafer erhebliches Potential.

**Tab. 1**  $\beta$ -Glucan- und Vitamin E (Tocol)-Gehalte in genetischen Ressourcen des Hafers (mittlere Werte sind Mittelwerte und die äußeren zeigen die Spannweite an)



	$\beta$ -Glucan (g/100g TM)	Tocole ("Vitamin E") (mg/kg TM)
Moderne Sorten	3,1 – 4,7 <b>b</b> <sup>1</sup> – 5,9	27 – 66 <b>b</b> – 143
Alte Sorten	2,4 – 4,7 <b>b</b> – 6,6	25 – 72 <b>b</b> – 142
<i>A. strigosa</i>	3,5 – 5,1 <b>a</b> – 6,7	24 – 122 <b>a</b> – 171
Wildlebende Verwandte		
<i>A. fatua</i>	3,5 – 3,7 – 3,8	68 – 94 – 144
<i>A. barbata</i>	4,9 – 5,2 – 5,5	86 – 108 – 154
<i>A. damascena</i>	6,8	95
<i>A. wiestii</i>	6,6	88

<sup>1</sup>Verschiedene Buchstaben zeigen signifikante Unterschiede (Tukey,  $p=0,05$ )

**Abb. 2** Diploider Sandhafer (*A. strigosa*) mit interessanten Inhaltsstoffgehalten

**Fig. 2** Diploid sand or bristle oat (*A. strigosa*) with remarkable contents of nutritionally interesting ingredients

### Dokumentation

Die dauerhafte und genaue Dokumentation der Ergebnisse ist die Voraussetzung für ihre spätere Nutzbarkeit. Hierzu betreibt das Julius Kühn-Institut im Rahmen des europäischen Kooperationsprogramms für pflanzengenetische Ressourcen eine zentrale fruchtartenspezifische Datenbank für genetische Ressourcen des Hafers inkl. wildlebender Verwandter der Gattung *Avena* (<http://eadb.jki.bund.de/eadb/index.html>).

<i>Avena sativa</i> ssp. <i>sativa</i> convar. <i>orientalis</i> var. <i>obtusata</i> Alef. <i>Avena sativa</i> ssp. <i>sativa</i> convar. <i>sativa</i> var. <i>mutica</i> Alef.		Jygeva Roostekindlam	EST: ESTONIA	1930-1965
Origin		Collecting Site		
SAMPLESTATUS: Advanced cultivar COLLECTINGDATE: 1930		ENVIRONMENT: Institute / Research COUNTRY: EST: ESTONIA LOCATION: Jygeva SITE: Jygeva LONGITUDE: 2624E LATITUDE: 5824N ELEVATION: 35		
Picture Data		Selected Evaluation Data		
HOLDER: CZE047 ACCESSION: 03C0700263 PROJECT: GENRES106 EXPERIMENT: 2002AVEN08 DATE: 2002-07-28 DESCRIPTION: Panicle detail		GRAIN YIELD: [178-]398[-757] g/m <sup>2</sup> Seed weight: [21-]27.6[-38] g Test weight: 45.4 kg/hl Biomass yield: 755.6 g/plot Kernel weight: 16 g Days to heading: [84-]108.4[-168] Days Height of plant: [104-]126.1[-150] cm Protein in caryopsis: 15 % Lodging at mature stage: [1-]3.4[-5] Score Erysiphe graminis avenae: [1-]5.3[-9] Score Puccinia coronata avenae: [2-]4.3[-9] Score		

**Abb. 3** Zusammenfassung relevanter Informationen für eine alte Hafersorte in der Europäischen *Avena* Datenbank (<http://eadb.jki.bund.de>)

**Fig. 3** Summary of relevant information for an old oat cultivar in the European *Avena* Database (<http://eadb.jki.bund.de>)

### Züchterische Erschließung der biologischen Vielfalt

Der züchterische Aufwand zur Erschließung wertvoller Genvarianten aus genetischen Ressourcen hängt wesentlich von den zu überwindenden Kreuzungsbarrieren sowie der Vererbung des Merkmals ab. Monogene Merkmale, wie Krankheitsresistenzen, lassen sich i. A. einfacher erschließen als die im AVEQ-Projekt untersuchten komplexen Merkmale der Ernährungsqualität. Am Anfang steht in jedem Fall die Kreuzung des exotischen Merkmalsdonors mit einer Kultursorte oder näher verwandten Art zur Erzeugung von Hybriden, die eine Kreuzung mit dem hexaploiden Saathafer erleichtern. An den Kreuzungsnachkommen kreuzungskompatibler Partner können Spaltungsverhältnisse und damit die Anzahl beteiligter Gene nachgewiesen werden, wie es exemplarisch in Tab. 2 für die Mehltreuerresistenzen aus den beiden *A. byzantina*-Herkünften AVE2925 und AVE2406 dargestellt ist. Die Resistenzen beider Akzessionen wurden im Blattsegmenttest (Abb. 4) geprüft und monogene Ergänge nachgewiesen. Der nächste Schritt ist die molekulargenetische Kartierung der Resistenzgene mit Hilfe von genetisch gekoppelten DNA-Markern, z. B. Mikrosatellitenmarkern (SSR-Markern). Für das Mehltreuerresistenzgen *Eg5* aus *A. macrostachya* konnte auf diese Weise eine Position auf der Kopplungsgruppe KO-22\_44+18 der internationalen Kanota-Ogle-Referenzkarte beschrieben werden (Abb. 4; Yu und Herrmann 2006).

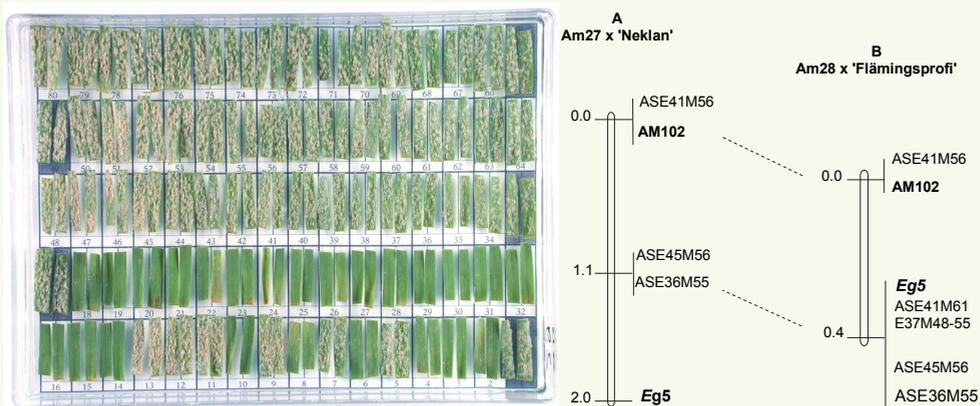
Bisher wurden am JKI Resistenzgene gegen Mehltreuer aus *A. strigosa*, *A. macrostachya*, *A. occidentalis*, *A. byzantina* und *A. sativa* in aktuelles Haferzuchtmaterial eingekreuzt, um die genetische Diversität für die Widerstandsfähigkeit gegen diesen Krankheitserreger zu verbreitern.

Zur Erschließung wertvoller Genvarianten quantitativ vererbter Merkmale aus exotischen Herkünften wurde die sogenannte AB-QTL-Analyse (*Advanced Backcross QTL Analysis*) als effiziente Strategie angewandt ( Tanksley and Nelson 1996). Unter AB-QTL-Analyse wird die molekulargenetische und phänotypische Charakterisierung fortgeschrittener Rückkreuzungspopulationen verstanden,

wodurch ein Verlust wertvoller Donorallele durch die QTL-Kartierung in den Rückkreuzungspopulationen minimiert werden kann. In einem vom BMBF geförderten Projekt unter Beteiligung von JKI konnten u.a. QTL für das Merkmal  $\beta$ -Glucangehalt kartiert werden, die vorwiegend von der  $\beta$ -glucanreichen Haferakzession IAH611-447 stammen.

**Tab. 2** Spaltungsanalyse für Mehltausistenz an F3-Familien aus Kreuzungen mit *A. byzantina* AVE2925 und AVE2406

Kreuzung	resistent	segregierend	anfällig	Angenommenes Verhältnis	$\chi^2$
Dominik / AVE 2925	36	91	44	1:2:1	1,46
Dominik / AVE 2406	44	112	42	1:2:1	3,45



**Abb. 4** Selektion mehltausistenter Nachkommen im Blattsegmenttest und genetische Kartierung des Mehltausistenzgens *Eg5* nach dessen Einkreuzung aus *A. macrostachya* in den Kulturhafer

**Fig. 4** Selection of mildew resistant progeny in a leaf segment test and genetic mapping of the *Eg5* gene for mildew resistance after crossing of cultivated oats with the wild species *A. macrostachya*

Ergebnisse der hier vorgestellten Forschungsaktivitäten von der Evaluierung und Erschließung bis zur AB-QTL-Kartierung sind bereits in die Sortenentwicklung eingeflossen. Sie leisten somit einen Beitrag zu verbesserten Hafersorten und zur Erhöhung der Attraktivität der vernachlässigten Fruchtart Hafer, und unterstützen somit die Fruchtartenvielfalt in der Landwirtschaft.

### Danksagung

Das Projekt AVEQ (Förderkennzeichen AGRI 2006-0397) wurde durch die Europäische Kommission, Generaldirektion Landwirtschaft und ländliche Entwicklung nach der Rats-Verordnung 870/2004, durch die Peter Kölln KGaA, Deutschland, durch Emco spol. s r. o., Tschechische Republik, sowie durch die Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP) gefördert.

Das Projekt zur AB-QTL-Kartierung (FKZ 03i0619) wurde durch das BMBF gefördert.

### Literatur

DIMBERG L.H., O. THEANDER und H. LINGNERT 1993: Avenanthramides - a group of phenolic compounds in oats. *Cereal Chemistry* 70, 637–641.

HAMPSHIRE, J. 1998: Zusammensetzung und ernährungsphysiologische Qualität von Hafer. *Nutrition* 22, 505–508.

EUROPÄISCHE KOMMISSION 2011: Verordnung (EU) Nr. 1160/2011 der Kommission über die Zulassung bzw. Nichtzulassung bestimmter gesundheitsbezogener Angaben über Lebensmittel betreffend die Verringerung eines Krankheitsrisikos, Amtsblatt der Europäischen Union, L 296/26, <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2011:296:0026:0028:DE:PDF>

TANKSLEY S.D. und C.J. NELSON 1996: Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theoretical and Applied Genetics* 92:191–203.

YU J. und M. HERRMANN 2006: Inheritance and mapping of a powdery mildew resistance gene introgressed from *Avena macrostachya* in cultivated oat. *Theoretical and Applied Genetics* 113:429–437.