

Mitteilungen und Nachrichten

Reisebericht – Gif-sur-Yvette, Frankreich

Besuch der INRA, Abteilung Génétique Quantitative et Évolution, Université Paris-Sud, CNRS, AgroParisTech in Ferme du Moulon, am 22. Juni 2015, im Rahmen des Projektes „Innovative approaches to optimize genetic diversity for sustainable farming systems of the future“ – INSUSFAR, Workpackage 4, Data management

Nach dem Gesetz zu dem Übereinkommen vom 5. Juni 1992 über die biologische Vielfalt (CBD) ist die Bundesrepublik Deutschland zur Anpassung ihrer sektoralen nationalen Strategien, Pläne und Programme zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung biologischer Vielfalt verpflichtet. Das Übereinkommen bewertet für die Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft verwendete Methoden (ex situ, in situ, on farm) als einander komplementär, wobei sinnvollerweise der Schutz und die Bewirtschaftung genetischer Ressourcen im natürlichen Lebensraum Vorrang vor der Sicherstellung gefährdeter Ressourcen in Ex-situ-Sammlungen (Genbanken) haben sollte, denn nur im natürlichen Lebensraum findet Evolution statt.

Der Aufbau von Evolutionsramschen gilt als eine Möglichkeit zur Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen in ihren natürlichen Lebensräumen. Das nationale Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen beschreibt im Kapitel 4.3.6 „Erweiterung der genetischen Diversität durch Aufbau von Evolutionsramschen“ den damit verbundenen Handlungsbedarf. Seit dem Jahr 2008 führt das Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen des Julius Kühn-Instituts (JKI) für den Aufbau eines Evolutionsramsches der Wintergerste erforderlich Kreuzungen durch.

Ein wesentliches Anliegen des JKI-Projektes „Evolutionramsch Gerste“ besteht in der Übertragung eines erprobten Bewirtschaftungsverfahrens für pflanzengenetische Ressourcen des Weizens auf Gerste sowie im Aufbau einer dafür notwendigen dauerhaften Organisationsstruktur. Das Verfahren wurde in Frankreich durch die INRA (Institut national de la recherche agronomique) in den 1970er Jahren entwickelt und seitdem erprobt, bewertet und fortentwickelt.

Durch die Einwerbung von Forschungsmitteln für das INSUSFAR-Projekt (BMBF Förderkennzeichen, 031A350) kann durch das JKI eine Organisationsstruktur und ein Informationssystem für Forschungen zur Evolution und Anpassung von Kulturpflanzen (Evolutionramsche; partizipative Pflanzenzüchtung) aufgebaut werden. In diesem Zusammenhang sind die aktuellen Arbeiten der Abteilung Génétique Quantitative et Évolution in Le Moulon und vor allem das Informationssystem SHiNeMaS: Seeds History and Network Management System von besonderem Interesse.

Aufgaben und Ziele der Arbeitsgruppe „Diversität, Evolution und Anpassung von Populationen“

Isabelle GOLDRINGER, Leiterin der Arbeitsgruppe, stellte die wesentlichen Ziele und Arbeitsbereiche der Gruppe vor. Die Arbeitsgruppe besteht aus zwei fest angestellten Wissenschaftlern, einem Postdoc, Doktoranden und Trainees. Das Team befasst sich mit Forschungen zum dynamischen Management genetischer Ressourcen des Weizens und verfolgt dabei zwei Zielsetzungen:

1. Verbesserung des Verständnisses von Evolutions- und natürlichen Selektionsprozessen
2. Entwicklung von Managementstrategien zur Erhaltung genetischer Diversität von Kulturpflanzen in landwirtschaftlichen Nutzungssystemen.

Hierbei wird die Diversität innerhalb der Fruchtart als Schlüsselement eines agro-ökologischen Modells verstanden. Diversität in Mischungen und Populationen führt durch Komplementaritätseffekte kurzfristig zu einer Erhöhung der Stabilität des Anbaus, langfristig wird das Material durch Selektionsprozesse an die lokalen Anbaubedingungen angepasst. Es werden folgende Strategien verfolgt:

1. Herstellung von Populationen für Evolutionsexperimente durch Handkreuzungen oder durch Nutzung männlich steriler Formen. Dieser Ansatz wird in der Literatur als „dynamisches Management pflanzengenetischer Ressourcen“ bezeichnet.
2. Züchtung lokal angepasster Weizen im Rahmen einer engen Kooperation zwischen Wissenschaftlern und Landwirten. Dieser Ansatz wird in der Literatur als „partizipatorische Pflanzenzüchtung“ beschrieben.

Interdisziplinarität spielt eine zunehmende Rolle in der partizipativen Forschung, wobei neben klassischen und neueren Methoden der quantitativen Genetik und Populationsgenetik die Sozial- und Rechtswissenschaften zunehmend eine wichtige Rolle spielen.

Das dynamische Management genetischer Ressourcen umfasst die Erzeugung multi-parentaler Populationen z.B. durch Verwendung des diallelen Kreuzungsschemas oder des MAGIC-Schemas (Multi-parent Advanced Generation Inter-Cross)¹, die Anpassung der Populationen durch im Wesentlichen natürliche Selektion am Reproduktions- und Produktionsstandort, und die Entwicklung und Anwendung von Indikatoren zum Monitoring der Diversität im Anbau² auf Basis molekularer genetischer Marker, des Pedigrees und phänotypischer Merkmale. Bei Weizen wurde ein deutlicher Rückgang genetischer Diversität im Anbau im Verlauf des 20. Jahrhunderts gefunden³. Dies widerspricht nicht den Befunden anderer Forschergruppen, die keine Abnahme der genetischen Diversität im gesamten Sortenmaterial des Weizens im Vergleichszeitraum feststellen konnten. Entscheidend ist vielmehr der Betrachtungsraum (Diversität im Anbau, Diversität im verfügbaren Sortenmaterial).

Zur Untersuchung der genetischen Diversität im Feld (Weizen und assoziierte Organismen) wurde WHEATAMIX, ein französisches Projekt ins Leben gerufen. Es werden 2 bis 8 Komponenten gemischt und die Wirkungen der Mischungsvarianten auf die assoziierte Diversität erfasst. Das Hauptziel besteht in der Entwicklung von 3D-Modellen, mit denen die Auswirkungen unterschiedlich heterogener Weizenbestände auf das Biotop „Weizenfeld“ analysiert und dargestellt werden können. Auf der Grundlage dieses Wissens sollen für Landwirte gene-

¹CAVANAGH, C., M. MORELL, I. MACKAY, W. POWELL, 2008: From mutations to MAGIC: resources for gene discovery, validation and delivery in crop plants. *Current Opinion in Plant Biology* 11, 215–221.

²BONNEUIL, C., R. GOFFAUX, I. BONNIN, P. MONTALENT, C. HAMON, F. BALFOURIER, I. GOLDRINGER, 2012: A new integrative indicator to assess crop genetic diversity. *Ecol. Indic.* 23, 280–289.

³BONNIN, I., C. BONNEUIL, R. GOFFAUX, P. MONTALENT, I. GOLDRINGER, 2014: Explaining the decrease in the genetic diversity of wheat in France over the 20th century. *Agr. Ecosys. Env.* 195, 183–192.

tisch diverse Mischungen von Weizen erzeugt werden, die die standörtlichen ökosystemaren Leistungen bestmöglich nutzen.

Die partizipatorische Pflanzenzüchtung erweitert und ersetzt in Frankreich zunehmend das dynamische Management. Die Arbeitsgruppe erklärt diese Entwicklung durch die Anzahl involvierter Kulturarten und Standorte/Teilpopulationen, die die Wirksamkeit des dynamischen Managements einschränkt. Zudem hatte sich gezeigt, dass die französischen Weizenzüchtfirmen kein ausgeprägtes Interesse am Material hatten. Dagegen sahen einige Landwirte aus dem Bereich des ökologischen Landbaus Möglichkeiten zur Entwicklung moderner Landsorten, die sowohl den standörtlichen Gegebenheiten als auch den Anforderungen verarbeitender Betriebe und Konsumenten angepasst sind. Französische Landwirte erhofften sich vor allem bessere Qualitäten der Rohstoffe für hofeigene Produkte und bessere Anpassung an ihre Anbaumethoden sowie stärkere Autonomie in Saatgutwirtschaft und Produktion.

Bei der Entwicklung der partizipatorischen Pflanzenzüchtung konnte sich das Team auf reiche Erfahrungen von FAO und Bioversity International auf dem Gebiet der Erforschung regionaler, traditioneller Saatgutversorgungssysteme in Mittelamerika, Afrika und Asien stützen. Landsorten sind in diesen Systemen in Form von Meta-Populationen organisiert; der Austausch von Material zwischen Landwirten unterliegt keinerlei gesetzlichen Vorschriften oder Regelungen und umfasst Handlungen wie Kreuzung, Selektion, Mischung und Weitergabe.

Das Team begann die Arbeiten in der partizipatorischen Züchtung im Zeitraum von 2003 bis 2005. In den Jahren 2008 bis 2010 entstanden erste Promotionsarbeiten zum Thema. Es wurden statistische Methoden für unbalancierte Versuchsanlagen für die partizipatorische Pflanzenzüchtung und netzwerk-basierte Herangehensweisen entwickelt. Herausragend sind EU-Projekte wie SOLIBAM (2010–2014) und DIVERSIFOOD (seit 2015–2019). Vor allem, um einen rechtzeitigen Ergebnisrücklauf zu den beteiligten Landwirten zu gewährleisten, war die Entwicklung eines leistungsfähigen Informationssystems zwingend notwendig. Dieses System wurde schließlich mit dem Seeds History and Network Management System (SHiNeMaS) bereitgestellt.

Notwendigkeit eines Informationssystems für die partizipatorische Pflanzenzüchtung

Mathieu THOMAS begründete die Notwendigkeit eines Informationssystems aus der Vielfalt der Daten, die zusammengefasst werden müssen. Während die konventionelle Kulturpflanzenproduktion in Europa durch eine strikte Aufgabenteilung und hochgradige Spezialisierung bestimmt wird, vollziehen an der partizipatorischen Pflanzenzüchtung beteiligte Landwirte alle Schritte wie Saatgutaustausch, Vermehrung, Selektion und dynamische Erhaltung im Rahmen ihres landwirtschaftlichen Handelns selbstständig. Diese Vorgehensweise entwickelte sich seit den 1990er Jahren aus einer sozialen Bewegung französischer Bauern in Frankreich. Ihr Bestreben besteht darin, genetisch diverses Material für den ökologischen Landbau mit Qualitätseigenschaften zu besitzen und weiterzuentwickeln und zwar innerhalb autonomer Saatgutversorgungssysteme und auf der Grundlage gesetzlicher Regelungen, die den Wert dieser Saatgutversorgungssysteme anerkennt und aus der gesetzlichen Grauzone enthebt. Mit Grauzone bezeichnet man einen Sachverhalt, welcher gesetzlich nicht eindeutig geregelt ist.

Für die wissenschaftliche Bearbeitung war die Frage entscheidend, inwieweit genetische Diversität eines Pools von Ausgangsmaterial entweder durch experimentelle Populationen der Pflanzenzüchtungsforschung (Evolutionstramsche) oder

durch die partizipatorische Pflanzenzüchtung erhalten werden kann. Hierzu wurde das Konzept der Meta-Population aus der ökologischen Genetik verwendet. Diese Disziplin der Genetik befasst sich mit der Zusammensetzung und Veränderung der DNA und generell der genetischen Grundlagen in natürlichen Populationen. Sie umfasst damit einerseits die Populationsgenetik, andererseits auch die Aspekte der Phylogeographie und Artbildung sowie der genetischen Zusammensetzung ganzer Lebensgemeinschaften.

In Abhängigkeit vom Standort und Management-Praktiken (z.B. Unterschiede in genetischer Drift bedingt durch mehr oder weniger kleine Saatgutproduktionsmengen) bewirken Faktoren spezifische genetische Anpassungsprozesse im nachgebauten Material und führen zur genetischen Differenzierung. Entstehende Differenzierungen können sowohl mit neutralen genetischen Markern wie auch morphologischen Merkmalen untersucht und in Netzwerkdiagrammen dargestellt werden. Weitere Informationen ergeben sich aus Angaben der Landwirte (Abstammungsdaten, Genealogie von Mischungen, Kontextdaten über Anbaumethoden sowie Daten aus der genetischen und phänotypischen Analyse).

Es wurden Netzwerkanalysen auf der Grundlage genetischer Analysen mit 17 SSR-Markern präsentiert. Auf ihrem Weg durch das partizipative Netzwerk (geographisch verteilte Höfe) werden die Herkünfte im Zeit-Raum-Gefüge beprobt. Die Ergebnisse der Anpassungsprozesse werden als Marker-Muster sichtbar. In dieser Untersuchung betrug der durchschnittliche Fixierungsindex $F_{st} = 0,12$, was auf eine relativ geringe Fixierung homozygoter Genotypen hinweist. An demselben Material ermittelte das Team am Beispiel des Ährensiebenzeitpunkts den phänotypischen Fixierungsindex Q_{st} . Mit einem Wert von $Q_{st} = 0,26$ liegt die phänotypische Fixierung etwas höher als jene mit selektionsneutralen SSR-Markern beobachtet. Nach Ansicht der Forschergruppe zeigen die Ergebnisse, dass die im Ausgangsmaterial vorhandene Diversität durch Schutz und Nutzung in einem Netzwerk von Standorten und Landwirten erhalten bleibt. Dieses Netzwerk kann als soziales Beziehungssystem verstanden werden, in dem fördernde, regulative, kontrollierende oder auch hemmende Kräfte wirken und die Erhaltung genetischer Diversität positiv oder negativ beeinflussen. Ein interdisziplinärer Ansatz ist erforderlich, um das Zusammenwirken populationsgenetischer und sozio-kultureller Prozesse zu verstehen. Hierbei spielt die Graphen-Theorie, ein Teilgebiet der Mathematik, das die Eigenschaften von Graphen und ihre Beziehungen zueinander untersucht, eine besondere Rolle. Für solche Langzeitanalysen ist ein Informationssystem erforderlich.

Datenmanagement in der partizipatorischen Pflanzenzüchtung

Pierre RIVIERE beschrieb den Umfang des Netzwerkes. Gegenwärtig kooperieren 80 lokale Nicht-Regierungsgebundene Organisationen in Frankreich und Belgien u.a. bei Weizen, Tomate, Gemüse und Obst. Dieses Netzwerk durch Bereitstellung von Daten und Information zu unterstützen ist der Zweck und die langfristige Aufgabe von SHiNeMaS. In den Jahren 2005 und 2006 wurden ca. 90 Weizen-Kreuzungen von Bauern ausgewählt und die F3-Nachkommenschaften ab dem Jahr 2008 reproduziert. Heute sind im System etwa 250 verschiedene Populationen, von denen je 5–10 auf 45–50 Höfen jährlich angebaut werden. Erfasst werden Abstammung und Historie, Experimentdesign und Anbaupraktiken auf den Höfen, Beurteilungen der jeweiligen Populationen durch den Landwirt, Analysen an selektierten und nicht selektierten Ähren zur Bestim-

mung von Selektionseffekten, Analyseergebnisse (z.B. Proteingehalt, TKG). Entscheidend ist, dass Ergebnisse jeweils vor der nächsten Aussaat den Landwirten zur Verfügung stehen.

SHiNeMaS: Seeds History and Network Management System

Yannick DE-OLIVEIRA stellte das von ihm entwickelte System vor. Die verwendete Technologie ist Python mit dem Django-Framework auf einer PostgreSQL-Datenbank. Es werden Lagerhaltung (Verfügbarkeit, Eigentümer, Herkunft und Stammbaum) sowie Feldversuche (Mikroplots, Umwelt) dokumentiert. Als Entitäten wurden Samenproben, Keimplasma, Spezies, Netzwerke, Methoden und Projekte genannt.

Eine Webanwendung unterstützt vor allem das Laden von Daten aus Excel-Dateien. Eine Administrationsoberfläche erlaubt das Einrichten grundlegender Objekte wie Benutzer oder Fruchtart. Das Laden von Daten als generelle Art der Informationsübergabe an die Datenbank, orientiert sich vornehmlich an Aktivitäten, die im Netzwerk vorkommen: Diffusion (Saatgutweitergabe), Vermehrung, Selektion, Mischung, Kreuzung. Zur Beschreibung dieser Aktivitäten und darin verwendeter Methoden stellt die Anwendung vorbereitete Dateien als Schablonen mit jeweils obligat oder fakultativ auszufüllenden Attributen, welche Aktivitäten und entsprechende Typen von Methoden beschreiben, zur Verfügung.

Diese Art der Organisation der Eingabeschablonen entspricht hingegen nicht dem Datenmodell. Sie reflektiert die Aktivitäten (events) und Beziehungen im Netzwerk. Beim Import findet daher eine Übersetzung der Struktur der Eingabedateien in die Datenbankstruktur statt. Attributwerte, welche wiederholt zuzuordnen sind, wie z.B. die Identifikation des Keimplasmas oder der Saatgutprobe, sind nicht in den Schablonen enthalten, sondern werden beim Hochladen durch interaktive Auswahl zugeordnet, oder sie werden bereits bei der Online-Erzeugung der Schablone abgefragt (z.B. Saatgutproben für eine Datei mit Angaben zur Vermehrung) und in die bereits vordefinierte Datensätze der Schablone eingefügt, um Eingabefehler zu vermeiden. Neu in die Datenbank einzugebende Saatgutproben oder Keimplasma werden am Erzeugungsdatum erkannt und es wird die entsprechende Eingabe initiiert.

Einige Schablonen wurden vorgestellt.

Zur Beschreibung der grundlegenden Entitäten im Netzwerk:

- Die grundlegende Einheit, auf die sich alle Aktivitäten beziehen, ist die Saatgutprobe (seed lot). Obligate Attribute sind z.B. Name, Eigentümer, Jahr der Erzeugung, eindeutige Identifikation. Die Saatgutprobe existiert jeweils von der Ernte solange, wie Saatgut in einem Lager verfügbar ist (im Attribut Lagerstatus dokumentiert). Auf dieser Ebene wird auch der Populationstyp zugeordnet, der sich auf die Kreuzungsbiologie (selbstbefruchtend, offen abblühend etc.) bezieht.
- Die Saatgutprobe gehört zu einem Keimplasma. Das Keimplasma umfasst alle Saatgutproben, die selektiert oder weitergereicht werden. Mit erneuter Kreuzung oder Mischung entsteht ein neues Keimplasma. Insofern entspricht der Keimplasma-Begriff in etwa dem Begriff der Akzession, wobei er infolge des grundsätzlichen Vorhandenseins von natürlicher Selektion und Massenselektion durch die beteiligten Landwirte wesentlich dynamischer zu sehen ist als eine Akzession in einer Genbank. Im Gegensatz zum Management genetischer Ressourcen im Netzwerk besteht das Ziel einer Genbank in der Erzeugung einer Nachkommenschaft, die sich von der ursprünglichen Akzession möglichst nicht unterscheidet.

Zur Beschreibung von Aktivitäten, die sich im Netzwerk auf die Saatgutprobe beziehen:

- Diffusion (Saatgutweitergabe): obligate Attribute sind z.B. auch die anfängliche Menge und die weitergegebene Menge.
- Vermehrung: obligate Felder z.B. Name, Aussaatjahr, Erntemenge und -jahr, Produktionsort. Die Vermehrungsschablone bezieht sich auf zu vermehrende Saatgutproben eines spezifischen landwirtschaftlichen Betriebes.
- Selektion (repräsentative Stichprobe aus der Gesamtheit, selektierte Einzelähren)
- Mischung (Komponenten der Mischung)
- Kreuzung: obligate Felder sind z.B. männliche/weibliche Elternlinie, Name der Kreuzungslinie

Zur Beschreibung von Methoden, die den jeweiligen Aktivitäten (z.B. Kreuzungsmethode) zugeordnet sind.

Die Schablonen werden von den Akteuren (Landwirte) in Excel ausgefüllt und über die Webanwendung in die Datenbank hochgeladen. Das Hochladen wird durch Erfolgs- bzw. Fehlermeldung bestätigt, die gegebenenfalls weitere Informationen, z. B. die Zuordnung von Identifikatoren bereits persistenter Daten, interaktiv einholen.

In der Diskussion über die Bedeutung des Akzessionsbegriffs in SHiNeMaS wurde klar, dass dynamisches Management neue Begrifflichkeiten und Ontologien erfordert, die sich schließlich auch in neuen Konzepten des Saatgutrechts niederschlagen müssen. So sind der Akzessionsbegriff, wie auch der Sortenbegriff im Sortenrecht grundsätzlich statische Begriffe (DUS-Kriterien), die der grundsätzlich gegebenen Dynamik einer evolutionären Betrachtung von Diversität nicht gerecht werden. Die genaue und transparente Beschreibung der Historie, wie auch agronomisch und für die Nutzung wichtiger Merkmale werden als Kernkomponenten für die Zulassungskriterien in einem angepassten Saatgutverkehrsrecht gesehen, welches diverse und heterogene Populationen, die Produktionspopulationen und zugleich Reproduktionspopulationen im fortschreitenden Anpassungsprozess darstellen, fördert und deren Nutzung durch Landwirte nicht mehr erschwert.

Ein Abfragemodul erlaubt vor allen auf Saatgutproben orientierte Abfragen. Es erlaubt auch, die Navigation der Saatgutprobe durch das Netzwerk zu verfolgen. Eine mengenorientierte Abfrage z.B. nach bestimmten Merkmalsausprägungen ist nicht implementiert.

SHiNeMaS und R-Integration

Aufgrund der Komplexität von Versuchsanlagen in einem viertigen Netzwerk wurden spezifische, auf Bayes'scher Statistik fundierte Auswertungsmethoden entwickelt und als R-Pakete veröffentlicht. Diese sollen nun mittels eines weiteren R-Pakets mit SHiNeMaS integriert werden (shinemas2R). Es soll Daten aus der Datenbank abfragen, verschiedene Netzwerkanalysen (Beteiligung bestimmter Saatgutproben in Diffusion, Kreuzungen, Mischungen) und beschreibende Statistiken, Grafiken und Karten (z.B. geographische Verteilung von Saatgutproben und Markerinformationen) erlauben, und Eingabeformate für andere R-Pakete erzeugen. Analysiert werden auch Selektionsentscheidungen und Beobachtungen, Bewertungen der Bauern und damit verbundene Selektionsdifferenziale. Mit Hilfe der PDF-Schablonenverarbeitung in R, können automatisiert Berichte erzeugt werden, welche den beteiligten Bauern für die nächste Aussaat erforderliche Informationen schnell bereitstellen. Hierzu werden jeweils im September Treffen zur Auswertung der Jahresergebnisse im Netzwerk organisiert. Bisher dienen diese Treffen hauptsächlich dem Informationsaustausch zwischen Netzwerkpartnern. Die vorgestellten Anwendungen für

den web-basierten Informationsaustausch sind noch in der Entwicklungs- und Testphase (es gibt interne Tester und einige Testinstanzen, die für spezielle Tester bereitgestellt wurden) und sollen im Spätsommer in Produktion gehen.

Von Vertretern Nicht-Regierungsgebundener Organisationen (NGO) wird großes Interesse geäußert, das System zu nutzen und auch auf andere Fruchtarten zu übertragen. Die Bedeutung von Beratern in NGOs für das System, die teils mit öffentlichen Mitteln finanziert werden, wurde betont.

Relevanz für das Julius Kühn-Institut

Der Besuch erfolgte im Rahmen des BMBF-Projekts „Innovative approaches to optimize genetic diversity for sustainable farming systems of the future – INSUSFAR“. Der Projektplan sieht Besuche von Arbeitsgruppen vor, die sich mit diesem Thema befassen und bereits Informationssysteme für die Erfassung, Dokumentation und Auswertung von Daten zum Management genetischer Diversität in Anbausystemen entwickeln.

Das Julius Kühn-Institut konzipiert, entwickelt und implementiert ein Informationssystem für INSUSFAR. Dies beinhaltet, neben der Bedarfsanalyse und dem Benchmarking bestehender Systeme, die komplette Umsetzung, Erprobung und Betrieb des Informationssystems, um die im Projekt generierten Daten zu verwalten und zu analysieren. Bestandteil wird auch ein Webinterface sein, um den Projektpartnern sowie Dritten diese Daten und Analysen zur Verfügung zu stellen.

Das Informationssystem speichert die im Projekt zusammengetragenen und generierten Daten für Analysen. Dabei werden zum einen Daten zu historischen Sortenversuchen mit Weizen gesammelt und Literaturdaten zum Züchtungsfortschritt bei älteren und neueren Weizensorten zusammengetragen. Zum anderen werden im Laufe des Projekts Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten zu einer Reihe von Winterweizen-Populationen unter verschiedenen Bedingungen generiert. Für die Ausdifferenzierung einer MAGIC Wintergerste-Population etabliert das JKI einen organisatorischen Rahmen, ein Netzwerk

von Standorten und Institutionen. Das Netzwerk unterscheidet sich von dem im Bericht dargestellten französischen Netzwerk nur hinsichtlich des Status der Partner (Landwirte versus öffentlich finanzierte Institutionen).

Vor Beginn der Dienstreise wurde die Bedarfsanalyse für das INSUSFAR Informationssystem fertiggestellt. Während der Beratungen zeigte sich, dass unsere Bedarfsanalyse alle wesentlichen Entitäten und Aktivitäten berücksichtigt.

In Vorträgen wurden die Züchtungsforschung und Arbeiten zu genetischen Ressourcen am JKI sowie aus dem AVEQ-Projekt stammende Konzepte und Entwicklungen von Informationssystemen zur Phänotypisierung genetischer Ressourcen vorgestellt.

Es zeigte sich, dass die Arbeiten zu einem guten Teil komplementär sind (Fokussierung auf das Hochladen von Excel-schablonen in SHiNeMaS, Fokussierung auf direkte Online-Eingabe zumindest der Stammdaten in AVEQ), und sich ergänzen könnten. Es wurde angesprochen, dass das direkte Editieren für die meisten Objekte in der Webanwendung von SHiNeMaS nicht implementiert ist, aber als wünschenswert erachtet wird.

SHiNeMaS umfasst Module, die auch für das INSUSFAR-Projekt zweckdienlich wären. SHiNeMaS wird allerdings erst zum Ende des Jahres 2016 unter der Kleinen Allgemeinen Öffentlichen Lizenz (Lesser General Public License, LGPL) öffentlich verfügbar gemacht werden. Zu diesem Zeitpunkt müssen Kernkomponenten des INSUSFAR Informationssystem bereits in der Produktionsphase funktionieren. Eine Übernahme und Weiterentwicklung des Quellcodes ist daher, abgesehen von der Technologie, die mit der vom JKI favorisierten nicht vereinbar ist, auch aus lizenzrechtlichen Gründen nicht möglich.

Die Gesprächspartner halten eine engere Kooperation sowohl im Bereich der Diversitätsforschung als auch bei der Entwicklung von Informationssystemen als sinnvoll und sie vereinbarten u.a. den Test von SHiNeMaS durch den JKI-Partner und die Vertiefung der Zusammenarbeit im Rahmen der EU-Forschungsförderung.

Lothar FRESE, Christoph GERMEIER
(JKI Quedlinburg)

Literatur

Bundesnaturschutzrecht – Kommentar und Entscheidungen

Kommentar zum Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG), Vorschriften und Entscheidungen. Prof. Dr. K. Messerschmidt, begr. von Dr. A. Bernatzky† und O. Böhm. Loseblattwerk in 6 Ordnern mit CD-Rom. Heidelberg, rehm, Verlagsgruppe Hüthig Jehle Rehm, ISBN 978-3-8073-2393-0.

125. Aktualisierung, Stand: August 2015

Die Highlights dieser Aktualisierung:

- "Die Neukommentierung u.a. der §§ 52 (Ankunft- und Zutrittsrecht), 53 (Gebühren und Auslagen, Ermächtigungen zum Erlass von Rechtsverordnungen), 54 (Ermächtigung zum Erlass von Rechtsverordnungen und Verwaltungsvorschriften) BNatSchG
- "Aktuelle Rechtsprechung

Das bringt die 125. Aktualisierung:

Mit dieser Aktualisierung erhalten Sie die Neukommentierung der §§ 52 (Ankunft- und Zutrittsrecht), 53 (Gebühren und Auslagen, Ermächtigungen zum Erlass von Rechtsverordnungen),

54 (Ermächtigung zum Erlass von Rechtsverordnungen und Verwaltungsvorschriften) und 55 (Durchführung gemeinschaftsrechtlicher oder internationaler Vorschriften; Ermächtigung zum Erlass von Rechtsverordnungen) BNatSchG. Die aktuelle Rechtsprechung rundet die Aktualisierungslieferung ab.

Bundesnaturschutzrecht – Kommentar und Entscheidungen

Kommentar zum Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG), Vorschriften und Entscheidungen. Prof. Dr. K. Messerschmidt, begr. von Dr. A. Bernatzky† und O. Böhm. Loseblattwerk in 6 Ordnern mit CD-Rom. Heidelberg, rehm, Verlagsgruppe Hüthig Jehle Rehm, ISBN 978-3-8073-2393-0.

126. Aktualisierung, Stand: September 2015

Die Highlights dieser Aktualisierung:

- Die Neukommentierung u.a. der §§ 56 (Geltungs- und Anwendungsbereich), 57 (Geschützte Meeresflächen im Bereich der deutschen ausschließlichen Wirtschaftszone und des Festlandssockels), 58 (Zuständige Behörden; Gebühren und Auslagen) BNatSchG

- Durch die zehnte Zuständigkeitsanpassungsverordnung vom 31.8.2015 (BGBl. I S. 1474) wurden u.a. das UVPG, ROG, Bundeswaldgesetz, WHG, WaStrG und das BauGB geändert.
- Aktuelle Rechtsprechung

Das bringt die 126. Aktualisierung:

Mit dieser Aktualisierung erhalten Sie die Neukommentierung der §§ 56 (Geltungs- und Anwendungsbereich), 57 (Geschützte Meeresflächen im Bereich der deutschen ausschließlichen Wirtschaftszone und des Festlandssockels), 58 (Zuständige Behörden; Gebühren und Auslagen) BNatSchG.

Durch die zehnte Zuständigkeitsanpassungsverordnung vom 31.8.2015 (BGBl. I S. 1474) wurden u.a. das UVPG (Gesetz über die Umweltverträglichkeitsprüfung), ROG (Raumordnungsgesetz), Bundeswaldgesetz, WHG (Gesetz zur Ordnung des Wasserhaushaltes), WaStrG (Bundeswasserstraßengesetz) und das BauGB (Baugesetzbuch) geändert.

Die aktuelle Rechtsprechung rundet die Ergänzungslieferung ab.

Annual Review of Phytopathology, Vol. 53, 2015. Eds.: Neal K. VAN ALFEN, Jan E. LEACH, Steven LINDOW. Palo Alto, Calif., USA, Annual Reviews, 634 S., ISBN 978-0-8243-1353-1, ISSN 0066-4286.

Band 53 des „Annual Review of Phytopathology“ beginnt mit einem einleitenden Artikel von Dennis GONSALVES mit dem Titel: „The Wayward Hawaiian Boy Returns Home“. Er schildert darin sein Forscherleben als Phytomediziner und die verschiedenen Stationen seines wissenschaftlichen Werdegangs beginnend an der University of Hawaii und u.a. an der University of California in Davis. Ein Forschungsschwerpunkt waren Krankheiten und Schädlinge an der Kultur Papaya (*Carica papaya*).

Weitere Übersichtsartikel aus dem Gesamtgebiet der Phytopathologie schließen sich an:

Playing on a Pathogen's Weakness: Using Evolution to Guide Sustainable Plant Disease Control Strategies (Jiasui ZHAN, Peter H. THRALL, Julien PAPAIX, Lianhui XIE, Jeremy J. BURDON); Dissecting the Molecular Network of Virus-Plant Interactions: The Complex Roles of Host Factors (Aiming WANG); Molecular Mechanisms of Nematode-Nematophagous Microbe Interactions: Basis for Biological Control of Plant-Parasitic Nematodes (Juan LI, Chenggang ZOU, Jianping XU, Xinglai JI, Xuemei NIU, Jinkui YANG, Xiaowei HUANG, Ke-Qin ZHANG); Priming for Enhanced Defense (Uwe CONRATH, Gerold J.M. BECKERS, Caspar J. G. LANGENBACH, Michal R. JASKIEWICZ); Genome-Enabled Analysis of Plant-Pathogen Migration (Erica M. GOSS); *Citrus Tristeza Virus*: Making an Ally from an Enemy (William O. DAWSON, Moshe BAR-JOSEPH, Stephen M. GARNSEY, Pedro MORENO); Practical Benefits of Knowing the Enemy: Modern Molecular Tools for Diagnosing the Etiology of Bacterial Diseases and Understanding the Taxonomy and Diversity of Plant-Pathogenic Bacteria (Carolee T. BULL, Steven T. KOIKE); Genomics Spurs Rapid Advances in our Understanding of the Biology of Vascular Wilt Pathogens in the Genus *Verticillium* (Anna KLIMES, Katherine F. DOBINSON, Bart P.H.J. THOMMA, Steven J. KLOSTER-

MAN); Soil Health Paradigms and Implications for Disease Management (Robert P. LARKIN); Epidemiology and Population Biology of *Pseudoperonospora cubensis*: A Model System for Management of Downy Mildews (Peter S. OJIAMBO, David H. GENT, Lina M. QUESADA-OCAMPO, Mary K. HAUSBECK, Gerald J. HOLMES); Identifying and Naming Plant-Pathogenic Fungi: Past, Present, and Future (Pedro W. CROUS, David L. HAWKSWORTH, Michael J. WINGFIELD); Impact of Diseases on Export and Smallholder Production of Banana (Randy C. PLOETZ, Gert H.J. KEMA, Li-Jun MA); Evolution of Plant Parasitism in the Phylum Nematoda (Casper W. QUIST, Geert SMANT, Johannes HELDER); Lipochitooligosaccharides Modulate Plant Host Immunity to Enable Endosymbioses (Erik LIMPENS, Arjan VAN ZEIJL, Rene GEURTS); Range-Expanding Pests and Pathogens in a Warming World (Daniel Patrick BEBBER); Sharka Epidemiology and Worldwide Management Strategies: Learning Lessons to Optimize Disease Control in Perennial Plants (Loup RIMBAUD, Sylvie DALLOT, Tim GOTTWALD, Véronique DECROOQ, Emmanuel JACQUOT, Samuel SOUBEYRAND, Gaël THÉBAUD); A Moving View: Subcellular Trafficking Processes in Pattern Recognition Receptor-Triggered Plant Immunity (Sara Ben KHALED, Jelle POSTMA, Silke ROBATZER); Roots Shaping Their Microbiome: Global Hotspots for Microbial Activity (Barbara REINHOLD-HUREK, Wiebke BÜNGER, Claudia Sofia BURBANO, Mugdha SABALE, Thomas HUREK); Identification of Viruses and Viroids by Next-Generation Sequencing and Homology-Dependent and Homology-Independent Algorithms (Qingfa WU, Shou-Wei DING, Yongjiang ZHANG, Shuifang ZHU); Quantitative Resistance to Biotrophic Filamentous Plant Pathogens: Concepts, Misconceptions, and Mechanisms (Rients E. NIKS, Xiaoquan QI, Thierry C. MARCEL); Landscape-Scale Disease Risk Quantification and Prediction (Jonathan YUEN, Asimina MILA); Torradoviruses (René A.A. VAN DER VLUGT, Martin VERBEEK, Annette M. DULLEMANS, William M. WINTERMANTEL, Wilmer J. CUELLAR, Adrian FOX, Jeremy R. THOMPSON); Durable Resistance of Crops to Disease: A Darwinian Perspective (James K.M. BROWN); Understanding Plant Immunity as a Surveillance System to Detect Invasion (David E. COOK, Carl H. MESARICH, Bart P.H.J. THOMMA); Leaf Rust of Cultivated Barley: Pathology and Control (Robert F. PARK, Prashant G. GOLEGONKAR, Lida DEREVNINA, Karanjeet S. SANDHU, Haydar KARAOGLU, Huda M. ELMANSOUR, Peter M. DRACATOS, Davinder SINGH); Highways in the Sky: Scales of Atmospheric Transport of Plant Pathogens (David G. SCHMALE III, Shane D. ROSS); Grapevine Leafroll Disease and Associated Viruses: A Unique Pathosystem (Rayapati A. NAIDU, Hans J. MAREE, Johan T. BURGER).

Im Anschluss an die Artikel wird auf fachlich verwandte Beiträge in anderen „Annual Reviews“ verwiesen, z.B. im Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, Vol. 45, 2014; Annual Review of Entomology, Vol. 60, 2015; Annual Review of Food Science and Technology, Vol. 6, 2015; Annual Review of Genetics, Vol. 48, 2014; Annual Review of Microbiology, Vol. 68, 2014; Annual Review of Plant Biology, Vol. 66, 2015.

Der vorliegende Band ist unter <http://phyto.annualreviews.org> auch online recherchierbar. Ebenso wie vorher erschienene Bände, ist Band 53 der Reihe „Annual Review of Phytopathology“ eine äußerst wertvolle Informationsquelle phytopathologischer Forschungsergebnisse bzw. aktueller Literatur.

Sabine REDLHAMMER (JKI Braunschweig)