

## **Ein mächtiges Werkzeug**

**Molekulargenetische Marker eröffnen für den Schutz der genetischen Vielfalt von Nutzpflanzen interessante Perspektiven. Dies zeigte sich an einem Workshop, den die SKEK zusammen mit der ACW Ende November in Bern durchführte. Mit Hilfe von genetischen Analysen können beispielsweise Sorten genau identifiziert und Verwandtschaftsverhältnisse zwischen Populationen aufgezeigt werden. Solche Untersuchungen könnten deshalb ein wichtiges Werkzeug bilden, um aus den vorhandenen umfangreichen Genbanken Core Collections für spezielle Erhebungen auszuscheiden.**

Nächstes Jahr beginnt die dritte Phase des Nationalen Aktionsplans (NAP) zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen in der Schweiz. Im Vordergrund steht dabei die Identifizierung und Charakterisierung von genetischen Ressourcen. Bereits seit längerem werden Pflanzen und ihre Früchte anhand von klar definierten Deskriptoren morphologisch und physiologisch beschrieben. Immer mehr stellt sich jedoch die Frage, ob nicht auch molekulargenetische Marker für die Identifikation und Beschreibung von Nutzpflanzen eingesetzt werden sollten.

Die Schweizerische Kommission für die Erhaltung von Kulturpflanzen (SKEK) hat nun Ende November 2006 zusammen mit der Forschungsanstalt Agroscope Changins Wädenswil (ACW) in Bern einen Workshop zum Thema molekulare Sortencharakterisierung und genetische Vielfalt von Populationen und Sorten durchgeführt. Dabei konnten sich Vertreter aus verschiedenen Richtungen über Chancen und Probleme aus erster Hand informieren.

### **Mehr Informationen für die Züchter**

Bei der Züchtung der heutigen Kulturpflanzen gab es zwei «genetische Flaschenhälse», erklärte Beat Keller vom Institut für Pflanzenbiologie der Universität Zürich gleich zu Beginn des Workshops. Beim Übergang der Wildarten zu Kulturpflanzen zum einen und später bei der Züchtung der modernen Nutzpflanzen ging wertvolle genetische Diversität verloren. Die Frage stellt sich heute, wie man diese Vielfalt – die in Wildpflanzen und alten Kulturpflanzen noch vorhanden ist – erhalten und allenfalls wieder nutzen könnte. Zwar gibt es zu den einzelnen Kulturpflanzen umfangreiche Sammlungen. Doch die eingelagerten Bestände sind grösstenteils schlecht beschrieben und werden von den Züchtern denn auch kaum genutzt. «Der Züchter weiss nicht, was er hat», brachte es Keller auf den Punkt.

Eine Analyse mit Hilfe von molekularen Markern bietet sich nach Ansicht von Keller als Lösungsansatz an. Bei diesen Markern handelt es sich um definierte Teilstücke im Genom, die mit speziellen Verfahren nachgewiesen werden. Ein ideales Markersystem basiert auf möglichst vielen Markern, die zufällig über das Genom gestreut und selektiv neutral sind, also keinen Einfluss auf die Funktionsweise der Pflanzen haben. Ein gängiges Verfahren basiert auf sogenannten Mikrosatelliten. Dabei handelt es sich um repetitive Sequenzen in der DNA, die je nach Sorte verschieden lang sind.

Auch wenn durch die vermehrte Automation solcher Analysen die Kosten in den letzten Jahren drastisch gesenkt werden konnten, stellt sich bei grossen Sammlungen doch das Problem, dass eine vollständige Analyse sehr aufwändig und kostspielig ist. Die Idee, aus den vorhandenen umfangreichen Sammlungen, die vermutlich viele Duplikate erhalten, mit Hilfe von molekulargenetischen Markern sogenannte Core Collections auszuscheiden, die dann gezielt für spezielle Erhebungen verwendet werden können, lässt sich deshalb nicht so ohne weiteres umsetzen.

Auch bei Wildpflanzen kann die Analyse mit molekulargenetischen Markern wertvolle Informationen liefern, wie François Felber vom Botanischen Garten und Biologischen Institut der Universität Neuenburg erklärte. Anhand von verschiedenen Studien zeigte er auf, wie Umweltfaktoren die genetische Diversität beeinflussen können. So kann beispielsweise eine kurzfristige Verringerung der Population zu einem Verlust an genetischer Vielfalt führen. Das wiederum kann sich auf das Adaptionsverhalten der Pflanzen auswirken. Grosse Populationen, so zeigten kontrollierte Experimente, können besser auf Umweltveränderungen reagieren als kleine. Für die Erhaltung der genetischen Ressourcen sei es zentral, die Struktur der Populationen zu kennen. Genau dafür stelle die Analyse von molekulargenetischen Markern ein ideales Werkzeug dar.

## Grosse Unterschiede bei der Anwendung

Bei der konkreten Anwendung dieser Marker bestehen zwischen den einzelnen Nutzpflanzen allerdings grosse Unterschiede. Im Falle der Kartoffeln beispielsweise steht man erst am Anfang, wie sich aus dem Referat von Công-Linh Lê und Eric Droz von der ACW schliessen lässt. Die beiden haben mit Hilfe von Mikrosatelliten Kartoffeln untersucht. Die bisherigen Erfahrungen hätten gezeigt, dass man mit morphologischen Kriterien und enzymatischen Markern die Sorten nicht in jedem Fall zuverlässig bestimmen könne. Als Ergänzung böten sich daher molekulargenetische Marker an. Basierend auf vier Markern gelang es Công-Linh Lê und Eric Droz, in 117 Proben 81 verschiedene Varietäten zu unterscheiden. Dabei entdeckten die beiden Forscher auch eine neue Kartoffelsorte.

Einen Schritt weiter ist man beim Obst. Jürg Frey von der ACW stellte ein neues Verfahren vor, das schnell und zuverlässig die Identifikation von Sorten mit Mikrosatelliten ermöglicht. Blindversuche mit einem externen Labor hätten gezeigt, dass das Verfahren auch von privaten Labors problemlos angewendet werden könne. Dabei konnte die Methode soweit vereinfacht werden, dass sie zu vernünftigen Kosten angewendet werden kann. Die Analyse von Mikrosatelliten sei ein sehr mächtiges Werkzeug, meinte Frey. Er plädierte deshalb entschieden dafür, die Methode nun zügig bei allen Kulturpflanzen anzuwenden. Es lohne sich nicht, weiter zuzuwarten, bis allenfalls verbesserte Analysemethoden zur Verfügung stünden.

Weit fortgeschritten ist der Einsatz von molekulargenetischen Markern hingegen bei Reben. Die Identifikation der verschiedenen Sorten sei vor allem bei kleinen Pflanzen sehr schwierig, meinte José Vouillamoz von der Universität Neuenburg. Die genetische Analyse biete sich deshalb als ideale Methode für eine zuverlässige Zuordnung an. Weltweit gibt es zwischen 6000 und 10'000 Traubensorten; oftmals handelt es sich um regionale Spezialitäten, die nur an wenigen Orten angepflanzt werden. Mit Hilfe von genetischen Untersuchungen konnte gezeigt werden, dass es darunter viele Synonyme gibt. Bei Zinfandel, Primitivo und Crljenak handelt es sich beispielsweise um die gleiche Traubensorte. Im Gegensatz zu anderen Kulturpflanzen ist man bei Reben bereits so weit, dass man sich international auf bestimmte Marker geeinigt hat, um die einzelnen Sorten zu identifizieren. Vouillamoz stellte am Workshop in Bern eine öffentlich zugängliche Datenbank vor, die es ermöglicht, eigene Analysewerte mit vorhandenen Daten zu vergleichen. Dadurch wird die Identifikation markant erleichtert.

## Verwandtschaften aufzeigen

Interessante Perspektiven eröffnen molekulargenetische Marker auch für die Untersuchung von Populationen. Pia Malnoë von der ACW zeigte am Beispiel von *Rhodiola rosea* auf, dass diese Methode auch bei Medizinalpflanzen wichtige Informationen liefert. Die Pflanze wird nicht nur in der traditionellen Medizin verwendet, sondern bietet – weil sie Substanzen enthält, die auf das Nervensystem wirken – auch für die moderne Medizin interessante Aspekte. Malnoë hat nun im Wallis und Tessin an verschiedenen Standorten Pflanzproben entnommen und diese untersucht. Die ersten Untersuchungen zeigen, dass sich die Populationen an den verschiedenen Standorten stark unterscheiden und beispielsweise auch unterschiedliche Gehalte an Wirksubstanzen aufweisen. Mit Hilfe von molekulargenetischen Markern möchte Malnoë nun herausfinden, ob die entdeckten Unterschiede auf genetischen oder ökologischen Faktoren beruhen.

Mit ganz anderen Problemen sieht man sich hingegen beim Mais konfrontiert. In den Genbanken gibt es innerhalb einzelner Akzessionen derart grosse Unterschiede, dass eine genaue Zuordnung auf Grund von morphologischen Kriterien häufig sehr schwierig ist. Tobias Eschholz vom Institut für Pflanzenwissenschaften der ETH Zürich hat Maisakzessionen aus der Schweiz analysiert, die in den dreissiger und vierziger Jahren gesammelt wurden. Mais wurde als Nutzpflanze in der Schweiz erstmals 1571 schriftlich erwähnt. Er lange Zeit nur im Rheintal, Wallis, Tessin und Puschlav angebaut. Tatsächlich zeigt sich nun, dass der Anbau von verschiedenen Landsorten über fast vierhundert Jahre hinweg in der Genetik Spuren hinterlassen hat. So finden sich beispielsweise im Tessiner Mais viele Allele, die in Maissorten aus anderen Gegenden nicht vorkommen. Auch bei den Maisproben aus dem Rheintal entdeckte Eschholz exklusive Allele.

Neue Verwandtschaftsverhältnisse aufzeigen konnte auch Roland Kölliker von der Forschungsanstalt Agroscope Reckenholz-Tänikon (ART). Er hat unter anderem Rotklee und Wiesenschwingel untersucht. Dabei zeigte sich beispielsweise, dass der Schweizer Wildklee genetisch gesehen relativ weit weg ist von Mattenklee; dieser stammt offenbar nicht wie bisher angenommen vom Wildklee ab, sondern wurde früher eingeführt. Die verschiedenen Rotklee-Hofsorten und der Wildklee stellten wertvolles genetisches Material dar, das erhalten werden sollte, meinte Kölliker. Etwas anders gelagert waren die Untersuchungsziele beim Wiesenschwingel. Diese Pflanze verzeichnet durch die zunehmende

Intensivierung in der Landwirtschaft einen Rückgang. Die Frage ist nun, welche Habitate sich besonders gut für eine Konservierung eignen. Die Forscher fanden nun heraus, dass es innerhalb der einzelnen Wiesenschwingel-Populationen eine sehr grosse Variabilität gibt. Dennoch konnten sie eine klare Separierung von Sorten nach Ökotypen erkennen. Demgegenüber fanden sie beim italienischen Raigras, das sich zunehmend in der Schweiz ausbreitet, keine vergleichbare Differenzierung. Die geographische Lage, so Kölliker, habe beim Wiesenschwingel einen starken Einfluss auf die genetische Ausstattung. Er plädierte deshalb dafür, Habitate für den Schutz entsprechend diesem Kriterium auszuwählen.

### **Anwendung mit Bedacht**

In den beiden Diskussionsrunden des Workshops zeigte sich, dass man sich grundsätzlich einig ist, dass aus den vorhandenen Genbanken Core Collections eingerichtet werden sollten. Es ist zu vermuten, dass in etlichen Sammlungen zahlreiche Duplikate vorhanden sind, deren Erhalt kostspielig ist. Allerdings sollte eine Reduktion der Sammlungen mit Bedacht geschehen, und sie sollte, so der Grundtenor am Workshop, nicht alleine anhand von molekulargenetischen Analysen geschehen, damit sicher keine wertvollen Bestände verloren gehen. Das neue Werkzeug stelle eine Ergänzung und keinen Ersatz zu den bestehenden Charakterisierungsmethoden dar. Bemängelt wurde in diesem Zusammenhang auch, dem Bund fehle es in dieser Frage an einer klaren Strategie.

Von Seiten der Züchter wurde zudem darauf hingewiesen, dass sie nicht unbedingt an Variabilität interessiert sind, sondern an speziellen Eigenschaften. In die gleiche Richtung argumentierte auch Peter Stamp vom Institut für Pflanzenwissenschaften der ETH Zürich. Man dürfe sich von der Einkreuzung alter Sorten nicht zu viel versprechen. Er habe mehrmals erlebt, dass dies nicht die erhofften Verbesserungen mit sich gebracht habe, dafür aber wichtige Merkmale der modernen Nutzpflanzen verloren gingen. Die Züchter hätten eben gut Arbeit geleistet, meint er. Dass der Erhalt alter Sorten dennoch lohnenswert ist, zeigt sich am Beispiel Reben. Eine gewisse Zeit lang seien nur noch einige wenige Traubensorten angepflanzt worden, weil dies dem Zeitgeist entsprochen habe. Heute sei man froh, dass es damals einige Winzer gab, welche die alten Sorten weiterpfl egten.

*Felix Würsten – Wissenschaftsjournalist, Zürich*