

Das Merkmal Ausdauer – Betrachtung der genetischen Drift in Populationen des Deutschen Weidelgrases und Entwicklung von Selektionshilfen

L. Gerson¹⁾, K. J. Dehmer¹⁾; S. Hartmann²⁾, C. Kalzendorf³⁾

¹⁾Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben

²⁾Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft, (LfL), Freising

³⁾Fachbereich Grünland und Futterbau der Landwirtschaftskammer Niedersachsen, Oldenburg

1 Einleitung

Aufgrund seines guten Wiederaustriebs, der hohen Trittfestigkeit sowie durch eine für Wiederkäuer günstige Zusammensetzung der Nährstoffe wird das Deutsche Weidelgras (*Lolium perenne* L.) in Grünland- und Rasenmischungen genutzt. Die ökologisch sinnvolle und ökonomische Verwendung in der Grünlandwirtschaft wird unter anderem auch durch das Merkmal Ausdauer effizient bestimmt. Die Ausdauer kann über eine Reihe verschiedener Bonituren wie zum Beispiel Ausprägung des Wiederaustriebs, Stand nach/vor Winter und Resistenz gegen Schneeschimmel bewertet werden. Dabei wird der Verlauf dieser Boniturmerkmale über mehrere Jahre eingeschätzt ([3], [2]). Eine Selektion auf Ausdauer bedeutet somit zum einen eine erhebliche Zeitverzögerung in der züchterischen Bearbeitung, zum anderen zeigt dieses komplexe Merkmal sehr große Unterschiede bezüglich der regionalen Ausprägung.

Es wurde daher versucht, molekulargenetische Marker als Selektionshilfen für das Merkmal Ausdauer differenziert für zwei bekanntermaßen stark divergierende Umwelten zu entwickeln. Weitere Ziele des Projekts waren die Beschleunigung des Auswahlprozesses und die Reduktion von Kosten. In Populationen mit einem relativ kleinen Umfang tritt ein zufälliger Effekt auf. Dieser zufällige Effekt wird als genetische Drift bezeichnet. Sie kann anhand von Schwankungen in den Allelfrequenzen, die dem Zufall unterliegen, bestimmt werden. In den vorliegenden Populationen wurde die genetische Drift mittels Bonituren von Merkmalen aus verschiedenen Versuchsjahren und nach mehreren Wiederholungen betrachtet. Unter Anwendung molekularer Marker wurde versucht, diese genetische Drift auf genetischer Ebene nachzuweisen und die bonitierten Phänotypen damit in Zusammenhang zu bringen.

2 Material und Methoden

Im Zeitraum 2004 bis 2008 wurden 17 Futtersorten des Deutschen Weidelgrases an vier verschiedenen Standorten in Deutschland unter gleichen Bedingungen angebaut und bonitiert. Zwei Standorte befinden sich in den Mittelgebirgslagen Bayerns und zwei Standorte in Niedersachsen, das durch moorige Umwelten charakterisiert ist. Die 17 Futtersorten wurden außerdem im Probenahmejahr 2006 an einem fünften Standort in maritimer Lage mit den entsprechenden Umwelteffekten angebaut und dort bis 2008 bonitiert (Abb. 1).

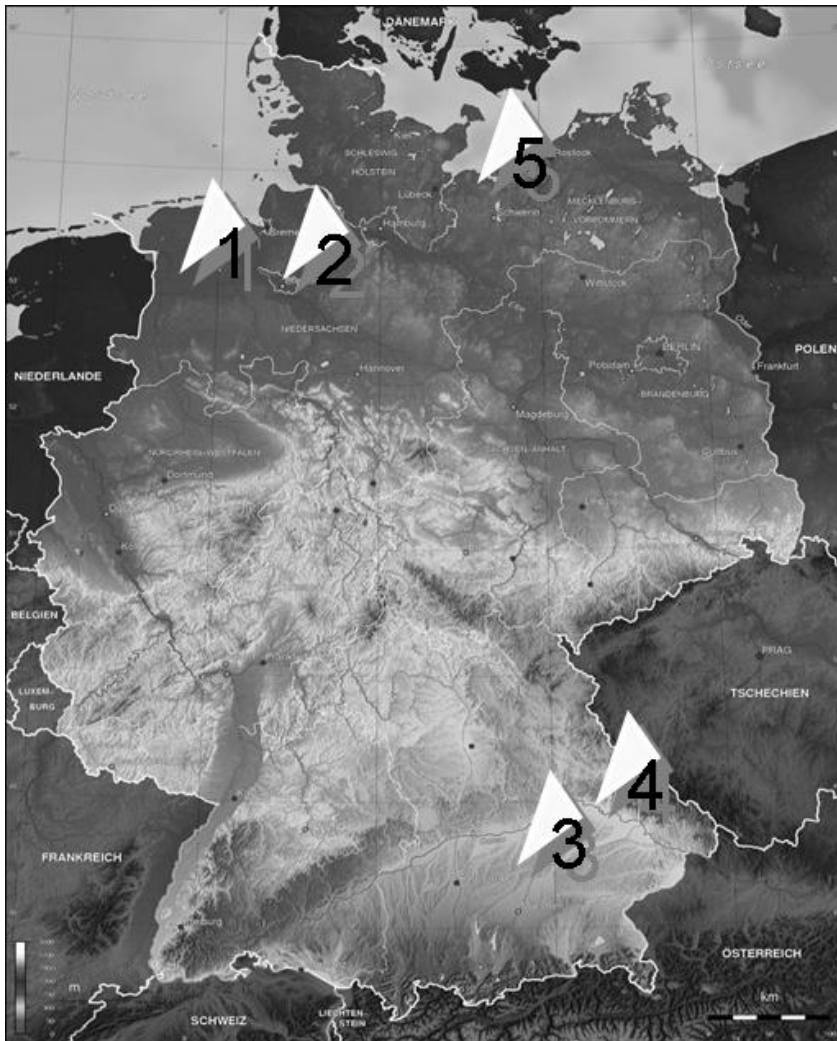


Abb. 1: Darstellung der fünf Versuchsstandorte: (1) Detern, (2) Schmalenbeck, jeweils moorig; Niedersachsen; (3) Spitalhof, (4) Hötzelndorf, jeweils montan; Bayern; (5) Malchow/Poel, maritim; Mecklenburg-Vorpommern.

An der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) in Freising wurden nach den Richtlinien des Bundessortenamtes [1] Bonituren in Populationen des Deutschen Weidelgrases an verschiedenen Standorten in Bayern vorgenommen und entsprechend ausgewertet ([3],[2]). Diese Voruntersuchungen waren Grundlage für die Bearbeitung und den Anbau der vorliegenden Versuche sowie der durchgeführten Bonituren.

Die Firma TraitGenetics führte einen Illumina GoldenGate SNP (single nucleotide polymorphism) Genotyping Assay durch. Mit diesem Assay wurden Proben geramschter DNA auf Verschiebungen in den Allelhäufigkeiten an 182 Weidelgras-Genloci untersucht. Ähnliche Vorarbeiten wurden in verschiedenen Kartierungspopulationen des Deutschen Weidelgrases u.a. von [5] durchgeführt. Abb. 2 zeigt die Allelfrequenzen einer Sorte an zwei Standorten und aus zwei Probenahmejahren eines ausgewählten Markers.

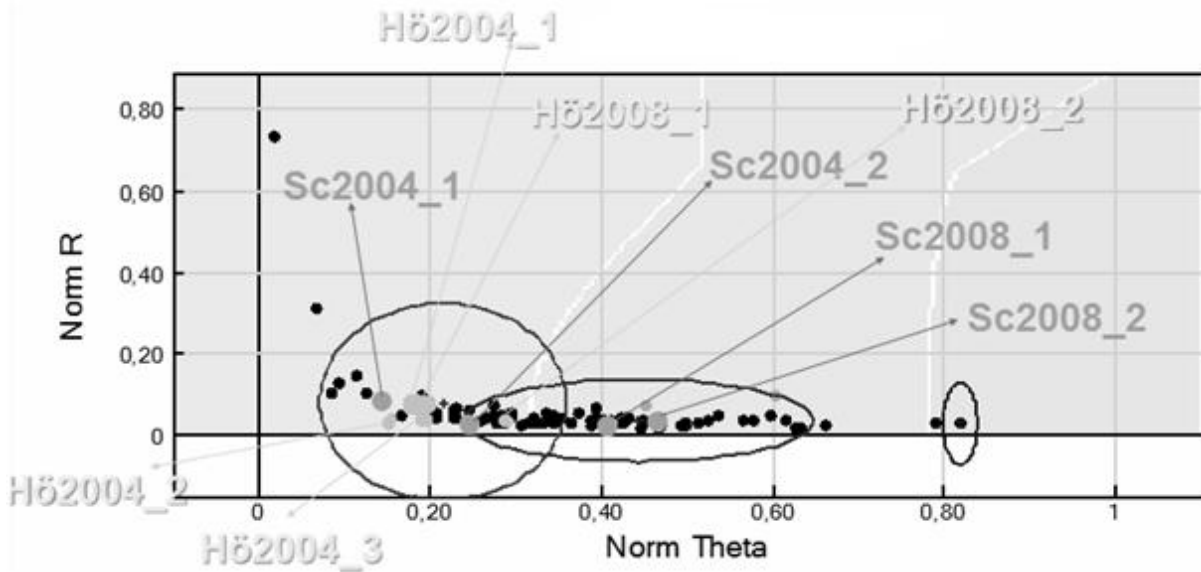


Abb. 2: SNP Graph eines ausgewählten DNA-Markers (erstellt mit Hilfe der Software Illumina® GenomeStudio). Er zeigt die Allelfrequenzen von vier Proben der Sorte Guru an den Versuchsstandorten 1-4 (siehe Abb. 1). Die hellgrauen Markierungen zeigen die Sorte Guru in Hötzelndorf (Hö) in 2004 und 2008 (zwei/drei Ramsche analysiert), wobei nur minimale Abweichungen zu erkennen sind. Die Markierungen in dunklerem Grau zeigen Guru am Standort Schmalenbeck (Sc) in 2004 und 2008 (jeweils zwei Bulks analysiert). Für den Standort (Sc) wurden Unterschiede bzw. Verschiebungen in den Allelfrequenzen zwischen den zwei Probenahmejahren 2004 und 2008 beobachtet.

3 Ergebnisse und Diskussion

Es wurde erwartet, dass sich in Abhängigkeit der angebauten Sorten Standortanpassungen zeigen. Diese Anpassungserscheinungen sollten anhand von Veränderungen in den Allelfrequenzen nachvollzogen werden. Aus Vorüberlegungen ergab sich dazu, dass sich in Proben aus den verschiedenen Jahren der Bonituren Standort- und Sortenunterschiede zeigen. Auch die zu den phänotypisch passenden Veränderungen in den Allelfrequenzen sollten deutlich festzustellen sein.

Die Analyse der Allelfrequenzen aus Abb. 2 zeigt zwar Verschiebungen bezüglich des Vergleichs der Standorte einer Sorte und der Probenahmejahre, allerdings nicht in der erwarteten Deutlichkeit. Für den montanen Standort Hötzelndorf in Bayern zeigen sich weitgehend einheitliche Werte der Allelfrequenzen in der Sorte *Guru*. Im Gegensatz dazu sind am moorigen Standort Schmalenbeck in Niedersachsen Verschiebungen der Allelfrequenzen in den zwei Probenahmejahren 2004 und 2008 nachzuweisen. In weiteren Sorten sollten sich ähnliche Tendenzen in den Allelhäufigkeiten zeigen. Bisher konnten zwar Einzelfälle ermittelt werden, aber häufig scheinen diese nicht in direktem Zusammenhang mit der Auswertung der entsprechenden Boniturdaten zu stehen.

4 Literatur

- [1] BUNDESSORTENAMT (2000): Richtlinien für die Durchführung von landwirtschaftlichen Wertprüfungen und Sortenversuchen; Landbuch Verlagsgesellschaft mbH Hannover; 4.18-1-4.18-20.
- [2] HARTMANN, S. (2003): Improvement of persistence in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) under the specific environmental conditions of Bavaria as an example of an integrated concept at the Institute of Crop Production and Plant Breeding in the Bavarian State Re-

search Centre for Agriculture; Mitteilungen Arbeitsgemeinschaft Grünland und Futterbau, Band 5, 163-166.

- [3] HARTMANN, S., and GERSTLE, C. (2003): Natural selection for persistence in rough regions of Bavaria in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) and its impact on other characteristics; Mitteilungen Arbeitsgemeinschaft Grünland und Futterbau, Band 5, 167-170.
- [4] HARTMANN, S. (2000): Stand und Perspektiven der Gräserzüchtung, 48. Jahrestagung, 2. bis 4. September 2004 in Ettelbrück, 39-42.
- [5] STUDER, B., BYRNE, S., NIELSON, R. O., PANITZ, F., BENDIXEN, C., ISLAM, M. S., PFEIFER, M., LÜBBERSTEDT, T. and ASP, T. (2012): A transcriptome map of perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.); BMC Genomics, **13**, 140.