

Dokumentation der innerartlichen Vielfalt von Kulturarten – Informationssysteme für pflanzengenetische Ressourcen

Documentation of intra-specific diversity in crops – information systems for plant genetic resources

Christoph Germeier* & Lothar Frese

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

* Korrespondierender Autor, christoph.germeier@jki.bund.de, +49(0)3946 47702

DOI: 10.5073/jka.2012.436.020

Zusammenfassung

Die biologische Vielfalt in der Agrarlandschaft wird geprägt von der Vielfalt von Kulturarten im Anbau und von der Vielfalt innerhalb der angebauten Kulturarten (Genotypen- oder Sortenvielfalt). Zur Sicherstellung letzterer wurden mehrere Millionen Muster verschiedener Kulturarten und ihrer wildlebenden Verwandten in Genbanken eingelagert. Moderne Informationstechnik hilft, diese Vielfalt effizient zu erschließen und nutzbar zu machen. Im Europäischen Kooperationsprogramm für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) werden für fruchtartsspezifische Arbeitsgruppen zentrale fruchtartsspezifischen Datenbanken betrieben. Das Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen betreut die Internationale Datenbank für *Beta* und die Europäische *Avena* Datenbank. Als typische Anwendungsfälle für die Arbeit an genetischen Ressourcen werden Implementierungen vorgestellt für die verbundene Recherche von Herkunfts- (Passport-) und Merkmalsdaten, für die geographische Verortung von Vorkommen und Merkmalen, für das Management von Feldversuchen zur Charakterisierung und Evaluierung genetischer Ressourcen und für die Fotodokumentation.

Stichwörter: Sortenvielfalt, Genbankmuster, fruchtartsspezifische Datenbanken, Merkmalsdaten, geographische Verortung, Feldversuchsmanagement.

Summary

The biological diversity in agricultural areas is formed by the diversity of crops and the diversity within crops (diversity of genotypes or cultivars). To conserve the diversity within crops several millions of samples of crop species and their wild relatives have been stored in genebanks. Modern information technology helps to make this diversity accessible and get it into use. In the European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR) central crop databases are provided to crop specific working groups. The Institute for Breeding Research on Agricultural Crops manages the International Database for *Beta* (IDBB) and the European *Avena* Database (EADB). As typical use cases for the work in genetic resources following implementations are shown: combined research for origin (passport) and trait data (characterisation and evaluation); geographic localisation of occurrences and traits; management of field experiments for characterisation and evaluation of crop genetic resources; documentation of images.

Keywords: Cultivar diversity, genebank accessions, European central crop databases, trait data, geographic localisation, management of field experiments.

Einleitung

Die biologische Vielfalt in der Agrarlandschaft wird geprägt von der Anbauvielfalt (Kulturartenvielfalt) und von der Vielfalt innerhalb der angebauten Kulturarten (Genotypen- oder Sortenvielfalt). Zu Beginn des 20. Jahrhunderts wurden erste Genbanken zur Sicherstellung der Vielfalt innerhalb der Kulturarten ins Leben gerufen vor allem für jene Arten und Formen, die in ihrem natürlichen Lebensraum von genetischer Erosion bedroht sind. Heute lagern mehrere Millionen Muster verschiedener Kulturarten und mit ihnen verwandter Wildarten in diesen Genbanken. Doch erst durch die moderne Informationstechnik kann diese Vielfalt effizient erschlossen und nutzbar gemacht werden. Seit den 1980er Jahren wurde im Europäischen Kooperationsprogramm für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) ein fruchtartsspezifischer kooperativer Ansatz in der

Erschließung der in Genbanken lagernden Vielfalt verfolgt, der sich in fruchtartsspezifischen Arbeitsgruppen und zentralen fruchtartsspezifischen Datenbanken kristallisierte. Seit dieser Zeit betreut die Arbeitsgruppe 'Pflanzengenetische Ressourcen' am Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen des Julius Kühn-Instituts die Internationale Datenbank für *Beta* (<http://idbb.jki.bund.de>) und die Europäische *Avena* Datenbank (<http://eadb.jki.bund.de>). Auf der Basis dieser Datenbanken koordinierte die Arbeitsgruppe EU-Projekte zur Charakterisierung und Evaluierung sowie zum Management pflanzengenetischer Ressourcen am natürlichen Standort (in situ) bzw. im landwirtschaftlichen Betrieb (on-farm). Es werden Anwendungsfälle aus diesen Bereichen dargestellt.

Datenbereiche

Erforderlich sind komplexe, interdisziplinär angelegte Informationssysteme. Abb. 1 zeigt wichtige Bereiche. Primäre Herkunftsdaten (Vorkommens- oder sog. Passportdaten) werden von naturhistorischen Sammlungen, botanischen Gärten oder Genbanken über zentrale Internetportale (GBIF, EURISCO) bereitgestellt. Für die landwirtschaftliche Beurteilung und Nutzung der Vielfalt ist die Integration von Passportdaten mit Daten zu züchterisch und agronomisch wichtigen Merkmalen (morphologische Eigenschaften, Ertrag, Qualität, Resistenz), zunehmend auch unter Einbeziehung von Daten zur molekularen Charakterisierung, wichtig.

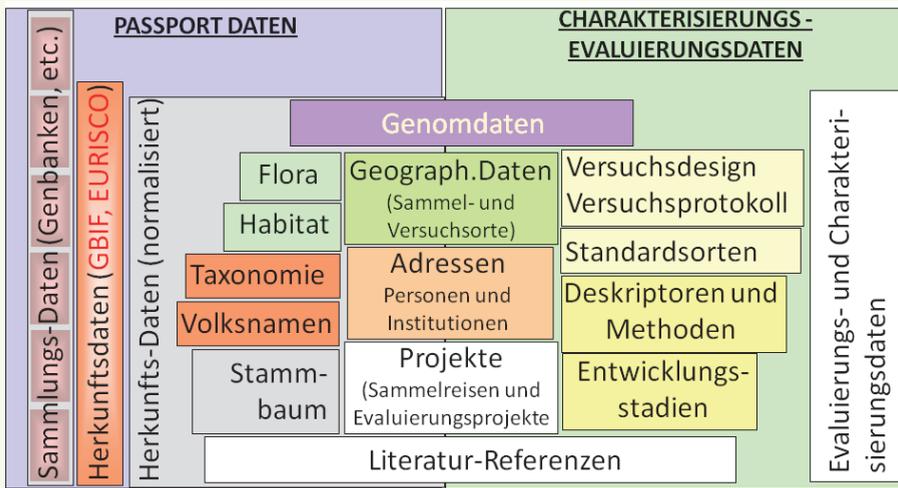


Abb.1 Datenbereiche in der Dokumentation zu genetischen Ressourcen
Fig. 1 Data domains in the documentation of plant genetic resources

Anwendungsfall verbundene Recherche

Eine Internet-Plattform erlaubt für beide Fruchtarten (*Avena*, *Beta*) verbundene Abfragen von Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten zur Auswahl von Mustern europäischer Genbanken (Abb. 2). Es können Ergebnislisten zu Herkunfts- und Merkmalsdaten angezeigt oder im Excel-Format heruntergeladen werden. Auch Details zur Versuchsdurchführung und zur Beobachtungs- und Analysenmethodik können angezeigt werden.

The screenshot shows the EADB interface with two main search sections on the left and a 'Display results' section on the right.

Passport Data: A search form with fields for Item (Genotype), Descriptor, Operator (=), and Value. Below it, a section for 'Characterisation and Evaluation Data' has a Trait (Paricle) and Descriptor (Shape of paricle) with Operator (Min) and Compare (>=). A dropdown menu for 'Shape of paricle' shows options: 1: Unilateral, 2: Subbilateral, 3: Equilateral. Below this, a query is shown: `(VIEW_PASSPORT.REGISTRATION<='1950' and (VIEW_PASSPORT.ORIGINCOU...))`. A 'Display results' button is at the bottom of this section.

Display results: A list of data categories with checkboxes for 'aggregated' and 'include duplicates':

- Cross table:** for selected characterisation and evaluation descriptors (checked)
- Observations:** for selected characterisation and evaluation descriptors (checked)
- Standard observations:** listed for selected characterisation and evaluation descriptors (checked)
- Observation methodology:** used for the selected characterisation and evaluation descriptors
- Experimental details:** for the selected characterisation and evaluation observations
- Passport data:** for the selected accessions as available (checked)
- Genebanks:** holding the selected accessions (checked)
- Pictures:** for the selected accessions as available
- Alleles:** found for the selected traits and accessions

At the bottom left, it says '35 Accessions found' and 'Display results'.

Abb. 2 Verbundene Internet-Abfrage zu Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten und Aufruf verschiedener Datenkategorien

Fig. 2 Combined online research for passport, characterisation and evaluation data and call of available data domains

Anwendungsfall geographische Verortung

Für das Management und die Erhaltung der biologischen Vielfalt am natürlichen Standort (in situ) ist die geographische Verortung von Daten wichtig. Diese kann mit botanischen Sammlungs- und Herbaraten (z.B. aus <http://data.gbif.org/occurrences>) und mit Genbankdaten (z.B. aus <http://eurisco.ecpgr.org/>) durchgeführt werden, soweit sie georeferenzierbar sind (GERMEIER *et al.*, 2012). Eine geographische Verortung ist interessant zum Abgleich räumlicher Herkunftsdaten mit Schutzgebieten (Abb. 4) oder für die Darstellung der geographischen Verteilung interessanter Merkmalsausprägungen (ENDRESEN, 2010). Für Abb. 5 wurden in der IDBB *Beta vulgaris* ssp. *maritima* Akzessionen mit einer mindestens mittleren Resistenz gegen *Erysiphe betae* vorselektiert und in einer Karte angezeigt. Diese können nun durch Auswahl eines weiteren Merkmals bzw. einer weiteren Krankheit entsprechend deren Merkmalsausprägung farblich markiert und/oder zusätzlich gefiltert werden (Resistenz gegenüber *Cercospora beticola*).

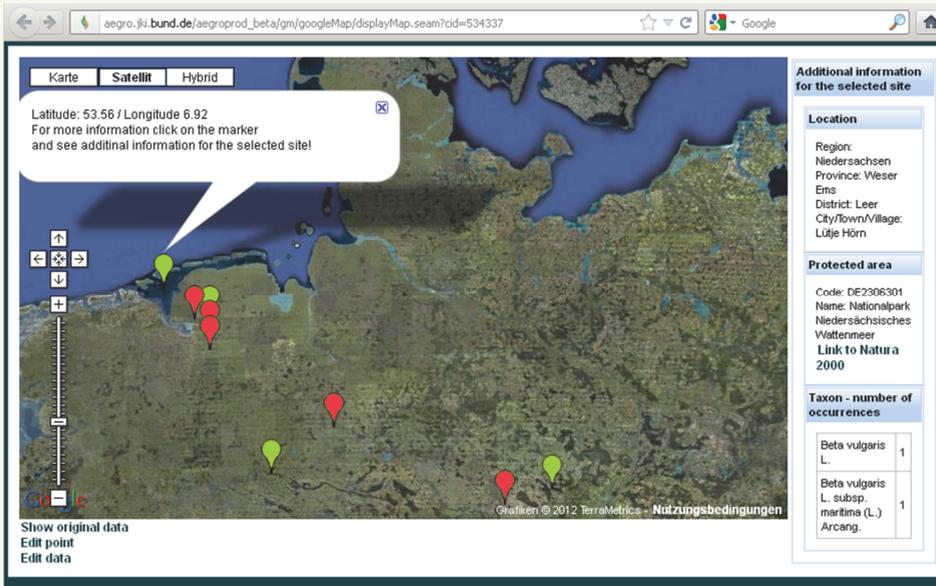


Abb. 3 Verortung dokumentierter Fundorte von *Beta* in Niedersachsen (in Schutzgebieten grün, außerhalb rot) - AEGRO PLIS (http://aegro.jki.bund.de/aegroprod_beta)

Fig. 3 Geographic localisation of documented occurrences of the genus *Beta* in Lower Saxony (in protected areas green markers, outside red markers) - AEGRO PLIS (http://aegro.jki.bund.de/aegroprod_beta)



Abb. 4 Fundorte werden geographisch dargestellt und entsprechend eines Resistenzmerkmals eingefärbt oder gefiltert (<http://idbb.jki.bund.de>)

Fig. 4 Collecting sites are displayed on a map and coloured or filtered according to the expression of a disease resistance (<http://idbb.jki.bund.de>)

Anwendungsfall Versuchsmanagement

Die Bewertung der Nutzbarkeit der verfügbaren Vielfalt setzt ein umfangreiches Evaluierungsprogramm mit Feldanbau, agronomischer, epidemiologischer und qualitativer Bewertung voraus. Um regionalspezifische Anpassungen erfassen zu können, sollte das Feldversuchsprogramm geographisch verteilt (mehrortig) durchgeführt werden. Zur Koordinierung geographisch verteilter Feldversuchsprogramme wurden durch die Arbeitsgruppe 'Pflanzengenetische Ressourcen' Web-Anwendungen entwickelt (<http://aveq.jki.bund.de>). Zur Gewährleistung einer orthogonalen Versuchsanstellung werden Feldpläne randomisiert und entsprechende Aussaat- und Boniturlisten sowie Excel-Dateien für die Dateneingabe entsprechend einer Beobachtungsmethodik, die wie die Experiment- und Standortbeschreibung online gepflegt werden kann, zum Herunterladen erzeugt. Versuchsergebnisse werden online eingepflegt.

Generate fieldplan

Cancel Create fieldplan

Selected Accessions

Evaluation

evaluationId	addressCo
2008AVEQQualityWildDEUS	Seeds

Create experiment

Create experiment

Name: Feld2012

Replications: 5

Plots per lane: 23

Selected 11 standards

Selected 329 entries

Set marker at block boundaries?

Set marker for field orientation?

View Fieldplan

Fieldplan in PDF

Fieldplan Fieldlist Sowinglist

Lanes>	1	2
Plots	1	2
V		
23	DEU087 CPVO20040091 IVORY A. sativa	SVK001 1005 Vendelin A. sativa
22	DEU146 AVE 544 A. sativa var.macrantha	POL003 PL50661 PERSIDSKIJ ZOLTYJ A. sativa subsp.satva var.persica
21	RUS001 200111657 Liniya 2	FRA040 20491 KER PILHOU

Abb. 5 Erstellen eines randomisierten Feldplans für den Anbau genetischer Ressourcen
Fig. 5 A randomized field plan for a field experiment with genetic resources is generated online

Anwendungsfall Fotodokumentation

Zur Darstellung der morphologischen Vielfalt oder zu dokumentarischen Zwecken können Fotos zu einzelnen Versuchspartellen parzellenorientiert eingelesen werden. Aus dem Feldplan werden automatisch Passportdaten zugeordnet.



Abb.6 Parzellenorientiertes Einlesen von Bildern (<http://aveqprod.jki.bund.de>)
Fig. 6 Plot wise upload of pictures (<http://aveqprod.jki.bund.de>)

Literatur

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*. Eds.: MAXTED, N., DULLOO, M. E., FORD-LLOYD, B. V., FRESE, L., IRIONDO, J. M. und M. A. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, CABI, 256-263.

ENDRESEN, D. T. F., 2010: Predictive Association between Trait Data and Ecogeographic Data for Nordic Barley Landraces, *Crop Science* **50**, 2418-2430.