

Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium repens* (JACQ.) W. D. J. KOCH

Genetic reserves for Helosciadium repens (JACQ.) W.D.J.KOCH

Tobias Herden^{1,*}, Maria Bönisch², Nikolai Friesen¹

¹Botanischer Garten der Universität Osnabrück, Albrechtstr. 29, 49076 Osnabrück

²Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

*Korrespondierender Autor, therden@uos.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.014

Zusammenfassung des Posters HERDEN et al. (2019)

Laut einer Studie von BILZ et al. (2011) sind 11 % der 572 untersuchten WEL Arten (Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft) in Europa gefährdet und bei 29 % ist die Datenlage unzureichend. Das Modell- und Demonstrationsvorhaben GE-Sell (Genetische Erhaltungsgebiete Wildsellerie) hat sich zur Aufgabe gemacht, genetische Erhaltungsgebiete für die vier in Deutschland vorkommenden Wildselleriearten (*Apium graveolens* subsp. *graveolens*, *Helosciadium repens*, *H. nodiflorum*, *H. inundatum*) einzurichten. Das Vorhaben wird gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (2814BM110 bis 112).

In einem Auswahlverfahren wurden die Daten der Umweltämter und Botanischen Institute evaluiert und für die Begutachtung ausgewählt. Von den 1040 Datenpunkten für *H. repens* wurden 78 für die Begutachtung ausgewählt. Von diesen konnten nach Begehungen der Fläche 59 bestätigt werden. Es wurden 27 Populationen aus verschiedenen Naturräumen ausgewählt und analysiert. Dafür wurden SSRs (simple sequence repeats) als Marker eingesetzt. Es wurden sechs polymorphe Marker eingesetzt um bis zu 30 Individuen pro Population zu analysieren. Die Daten wurden mit dem Programm DifferInt auf genetische Diversität überprüft. Die räumliche Verteilung der Diversität wurde mit einer discriminant analysis of principle components (DAPC) dargestellt.

Die genetische Differenzierung in Deutschland ist sehr gering ($\Delta_{SD} = 0,3455$; $0 < \Delta_{SD} < 1$). Die Population 22R konnte als am höchsten differenzierte Population identifiziert werden. Die Population 18R besitzt die höchste Übereinstimmung mit allen analysierten Populationen und repräsentiert somit die genetische Zusammensetzung der deutschen Vorkommen am besten. Beide Populationen wurden als prioritär für die Auswahl genetischer Erhaltungsgebiete (GenEG) erachtet. Basierend auf den Analysen und den erhobenen Daten bei den Begehungen, konnten zusätzlich 11 weitere potentielle GenEG vorgeschlagen werden. Die Populationen dieser Auswahl liegen zu 38 % in Naturschutzgebieten. Die DAPC ergab keine Gruppierung in Naturräume. Eine klare Trennung zwischen nördlichen und südlichen Populationen konnte nachgewiesen werden, wobei die Populationen im Süden eine höhere genetische Diversität aufwiesen.

Stichwörter: *Helosciadium repens*, Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft, WEL, genetische Erhaltungsgebiete, SSR, genetische Diversität

Abstract of the poster by HERDEN et al. (2019)

According to BILZ et al. (2011), 11% of the 572 investigated European CWRs (crop wild relatives) are considered as threatened, whereas for 29% the data is insufficient. The pilot project GE-Sell (Genetic Reserves for Wild Celery) was aimed to establish genetic reserves for all four wild celery species native to Germany (*Apium graveolens* subsp. *graveolens*, *Helosciadium repens*, *H. nodiflorum*, *H. inundatum*). The project was financially supported by the German Federal Ministry of Food and Agriculture through the Federal Office for Agriculture and Food (grant number 2814BM110 to 112).

Database excerpts provided by the Landesumweltämter (environmental agencies, EA) and data from local botanical institutes were evaluated. Out of the 1040 datapoints for *H. repens*, 78 were selected for a preliminary assessment and 59 were confirmed. Twenty-seven sites from different eco-geographic units (with up to 30 individuals per population) were assessed using six simple sequence repeat markers. The complementary compositional genetic differentiation $\Delta_{SD(i)}$ was calculated using the software DifferInt, to designate a subset of populations representing the overall genetic diversity the best. The discriminant analysis of principal components (DAPC) was used to identify clusters of genetically similar individuals.

The genetic diversification in Germany was very low ($\Delta_{SD} = 0.3455$; $0 < \Delta_{SD} < 1$). Entry 18R represented the average diversity of all the investigated populations the best, while entry 22R differed the most from its complement (showed the highest Δ_{SD} from the average investigated genetic diversity). Both populations were given priority when selecting genetic conservation areas. Based on the results of the genetic analysis and information of the current conservation status, a total of 13 populations were selected to serve as a potential genetic reserve. Thirty-

eight per cent of the selected populations were situated in conservation areas, whereas 62% were located in areas with no protection status. The eco-geographic units were not recognized in the DAPC. However, a clear clustering in northern and southern populations was visible. The southern populations showed a higher genetic diversity.

Keywords: *Helosciadium repens*, crop wild relatives, CWR, genetic reserves, SSR, genetic diversity

Literatur

- BILZ, M., IUCN REGIONAL OFFICE FOR EUROPE, IUCN SPECIES SURVIVAL COMMISSION (Hrsg.), 2011: European red list of vascular plants. Publications Office of the European Union, Luxemburg.
- FRESE L., M. BÖNISCH, T. HERDEN, M. ZANDER, N. FRIESEN, 2018: In-situ-Erhaltung von Wildselleriearten. Naturschutz und Landschaftsplanung **50**, 155–163.
- HERDEN, T., M. BÖNISCH, N. FRIESEN, 2019: Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium repens* (Jacq.) W.D.J.Koch. Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-131858>.
- HERDEN T., M. BÖNISCH, N. FRIESEN, 2020: Genetic diversity of *Helosciadium repens* (Jacq.) W.D.J. Koch (Apiaceae) in Germany, a Crop Wild Relative of celery. Ecology and Evolution **10**, 875–890. <https://doi.org/10.1002/ece3.5947>.
- METZING, D., E. GARVE, G. MATZKE-HAJEK, J. ADLER, W. BLEEKER, T. BREUNIG, S. CASPARI, F. G. DUNKEL, R. FRITTSCH, G. GOTTSCHLICH, T. GREGOR, R. HAND, M. HAUCK, H. KORSCH, L. MEIEROTT, N. MEYER, C. RENKER, K. ROMAHN, D. SCHULZ, T. TÄUBER, I. UHLEMANN, E. WELK, K. VAN DE WEYER, A. WÖRZ, W. ZAHLHEIMER, A. ZEHM, F. ZIMMERMANN, 2018: Rote Liste und Gesamtartenliste der Farn- und Blütenpflanzen (Tracheophyta) Deutschlands. Naturschutz und Biologische Vielfalt **70 (7)**, 13–358.