

Masterarbeit: Analyse der Fremdbefruchtungsrate bei Kamille (*Matricaria recutita* L.)

Laufzeit	01.01.2017 – 30.11.2018
Forschungsstelle	Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK Gatersleben) AG Quantitative Genetik, Abteilung Züchtungsforschung Corrensstraße 3 06466 Gatersleben
Projektleitung	Dr. Lars-Gernot Otto
Förderung:	Gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft unter dem Förderkennzeichen (FKZ) 22006314 aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages.

Gefördert durch:
 Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz
aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages


Forschungszentrum Nahrungsmittel und Rohstoffe e.V.

Problemstellung/Zielsetzung

Die Frage, ob eine Kulturpflanzenart Fremd- oder Selbstbefruchter ist, spielt eine entscheidende Rolle bei der Auswahl der Züchtungsstrategie und -methodik. Kamille wird zwar meist als Fremdbefruchter angesehen, doch sind konkrete, detaillierte Untersuchungen hierzu nicht bekannt. Das Auftreten von Selbstinkompatibilität wurde beschrieben, doch ist dieser Mechanismus variabel ausgeprägt.

Im Rahmen des Projektes „Züchtung einer Qualitätssorte von Kamille mit hoher Ertragsfähigkeit bei maschineller Ernte“ (Züchtung Kamille: Phase II, FKZ 22032012) wurde von der Pharmaplant Arznei- und Gewürzpflanzen Forschungs- und Saatzucht GmbH sowie dem Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK Gatersleben) bereits die Fremdbefruchtungsrate bei Kamille mit durchschnittlich 70% bestimmt. Es wurden allerdings deutliche Schwankungen beobachtet, sowohl zwischen verschiedenen Genotypen als auch innerhalb derselben Genotypen (Klonpflanzen) und häufig zwischen den verschiedenen Versuchsjahren und zwischen verschiedenen Standorten. Es wurden somit genotyp- und umweltabhängige Variationen festgestellt.

Basierend auf den Vorarbeiten wird mit diesem Vorhaben, umgesetzt als Masterarbeit, eine vertiefende Analyse der Fremdbefruchtungsrate bei Kamille (*Matricaria recutita* L.) durchgeführt. Hierbei wird die Datengrundlage erweitert und es sollen Erkenntnisse zum Einfluss des Genotyps und der Umweltbedingungen/Standorteffekte auf die Fremdbefruchtungsrate gewonnen werden.

Ergebnisse

Auf Basis von RNA-Sequenzdaten (Hi-Seq 2000) wurden 17.751 potenzielle Mikrosatelliten-Loci (SSR-Loci) identifiziert, von denen 100 SSR-Marker selektiert und für Kamille getestet wurden. Für die Analyse von 1.000 Nachkommen verschiedener Pärchenkreuzungen, durchgeführt jeweils mit Klonpflanzen in freier isolierter Abblüte parallel an 2-3 Standorten, wurden bereits in den Vorarbeiten sechs dieser Marker mit hohem Polymorphismus zwischen den Eltern ausgewählt.

Die DNA von weiteren 1.300 Kreuzungsnachkommen wurde aus Blattmaterial isoliert. Die experimentellen Arbeiten zur Amplifikation der DNA-Marker mittels PCR und Detektion dieser mittels eines Kapillarelektrophoresesystems (CEQ 8000) an ausgewählten 1.000 dieser Pflanzen sind abgeschlossen. Es wurden mehrere DNA-Marker für jede Kreuzungskombination verwendet. Die Auswertung und Analyse der erhaltenen Daten werden aktuell durchgeführt. Erste Ergebnisse bestätigen wie bereits in der ersten Untersuchung festgestellt, dass hohe individuelle Unterschiede in der Fremdbefruchtungsrate beobachtet werden können.

Desweiteren wurden 7 weitere Pärchenkreuzungen am IPK Gatersleben im Jahr 2017 durchgeführt. Hierzu wurden die Eltern mittels Stecklingen verklont und jeweils parallel mit mehreren Klonpflanzen sowohl in Isolierkabinen im Gewächshaus als auch im Freiland (freie isolierte Abblüte oder Verwendung von Isolierkäfigen) zur Abblüte gebracht. Es wurden Kreuzungen sowohl zwischen di- als auch zwischen tetraploiden Kamillepflanzen untersucht. Die Ploidie der Elternpflanzen wurde für alle Kreuzungen mittels Durchflusszytometrie kontrolliert, um sicher zu stellen, dass die Eltern jeweils die gleiche Ploidiestufe besitzen. Bei der Auswahl der Eltern wurde auf eine möglichst gleiche Blühzeit geachtet. Die Temperatur wurde sowohl im Freiland als auch im Gewächshaus gemessen und dokumentiert, um mögliche temperaturabhängige Unterschiede in der Fremdbefruchtungsrate erfassen zu können. Das Saatgut wurde von den Eltern geerntet und ausgesät, wobei von den Freilandpflanzen deutlich mehr Nachkommen als von den Kreuzungen im Gewächshaus erhalten wurden. Mit dem Ziel, von mindestens 500 dieser Nachkommen die Vaterschaft zu bestimmen (d. h. fremd- oder selbstbefruchtet), wurde aus Blattmaterial die DNA von 1.100 Nachkommen aus 5 Pärchenkreuzungen isoliert. PCR mit jeweils 2-3 elternspezifischen Primern wurde für 530 Pflanzen durchgeführt und die Analysen am Kapillarelektrophoresesystems sowie die Datenauswertung sind in Durchführung.

Projektbezogene Veröffentlichungen

Projektbezogene Veröffentlichungen sind in Planung. Es ist vorgesehen, die Ergebnisse sowohl im Rahmen einer Masterarbeit als auch in einer referierten, internationalen wissenschaftlichen Zeitschrift zu veröffentlichen.