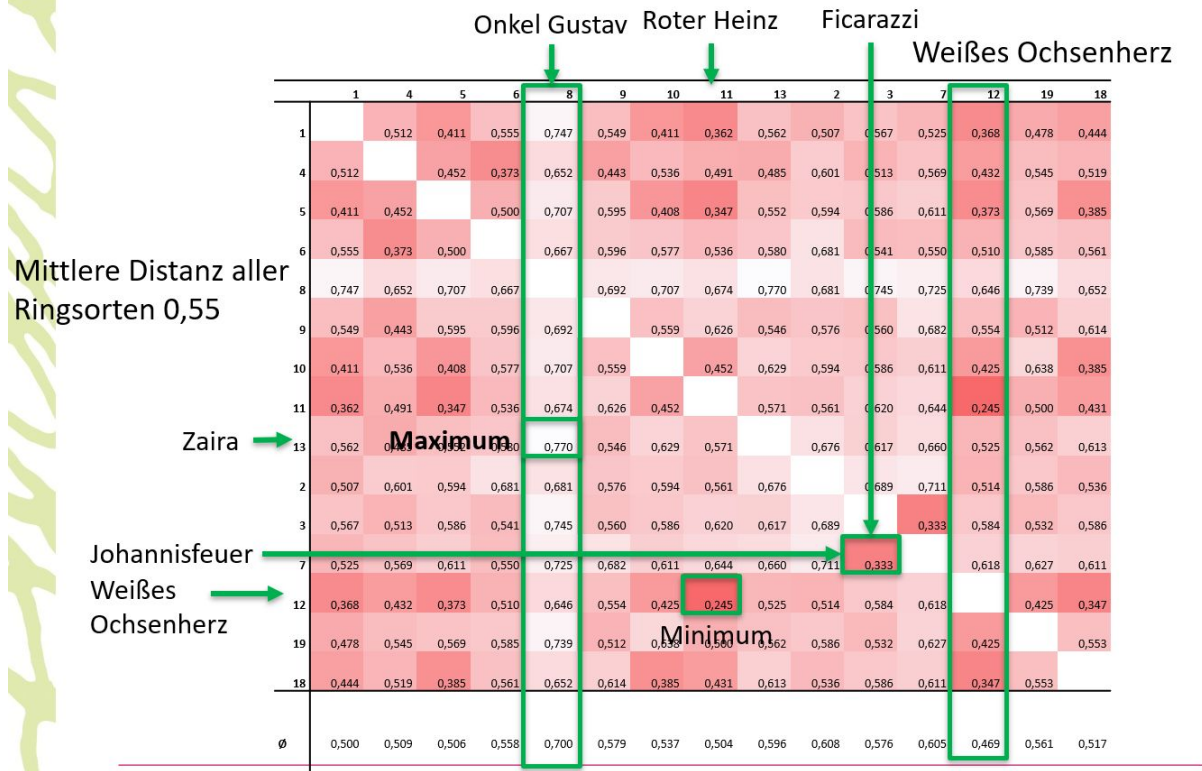


## Genetische Untersuchungen der Tomaten-Vielfalt als Erhaltungswerkzeug

Johannes Timäus

Auf dem Seminar hatte ich die Gelegenheit die Ergebnisse einer genetischen Untersuchung der Ringsorten von 2018 vorzustellen, die im Rahmen einer studentischen Projektarbeit von Mira Fink durchgeführt wurde. Bei der genetischen Analyse und Markerauswahl hat mein Kollege Dominik Dennenmoser (Fachgebiet Ökologische Pflanzenzüchtung und Agrarbiodiversität) uns tatkräftig unterstützt. Genetische Marker können zur Beschreibung biologischer Vielfalt auf molekulargenetischer Ebene verwendet werden. Biologische Vielfalt hat allerdings viele Aspekte und kann durch verschiedene Methoden erfasst werden. Morphologische und biometrische Aspekte (Fruchtform, Farbe) oder auch Nutzungstypen spielen bei Tomaten eine wichtige Rolle. Der Vorteil genetischer Marker liegt vor allem in ihrer Unabhängigkeit von der Umwelt im Gegensatz zu phänotypischen Merkmalen. Ausgehend von einer Literaturrecherche wurde ein Set von 12 Mikrosattelitenmarkern zur Beschreibung der Ringsorten etabliert und drei Individuen je Herkunft untersucht. Hieraus konnten dann genetische Distanzen berechnet werden. Es zeigt sich, dass sich die Ringsorten von 2018 klar von der wilden Tomatenart *Solanum pimpinellifolium* unterscheiden. Innerhalb der Ringsorten gibt es kein Paar mit einer genetischen Distanz von 0, also keine Dopplungen. Allerdings gibt es zwei Sorten – Ficarazzi und Johannisfeuer – die sich sowohl morphologisch ähneln als auch eine relativ geringe genetische Distanz zueinander aufweisen. Die geringste genetische Distanz wiesen allerdings das Sortenpaar Roter Heinz und Weißes Ochsenherz auf, die sich phänotypisch erheblich unterscheiden. Im ersten Fall also liefern genetische und phänotypische Untersuchungen ähnliche und im zweiten Fall verschiedene Ergebnisse. Dies ist keinesfalls widersprüchlich, sondern liegt in der komplexen Natur biologischer Vielfalt und zeigt die Notwendigkeit, diese auf verschiedenen Ebenen zu erfassen. Die Sorte Onkel Gustav weist im Mittel die höchste genetische Distanz zu allen anderen Herkünften auf und trägt damit relativ viel zur genetischen Diversität der Ringsorten von 2018 bei. Dagegen zeigt die Sorte Weißes Ochsenherz die geringste mittlere genetische Distanz zu den anderen Herkünften und trägt – molekulargenetisch betrachtet – relativ wenig zur Diversität der Ringsorten 2018 bei. Morphologisch ist sie als helle Ochsenherztomate aber natürlich erheblich verschieden von den anderen Herkünften und trägt auf dieser Ebene durchaus zur Vielfalt der Ringsorten bei.

Quantitative Diversitätsmaße (genetische Distanzen, Shannon-Weaver-Index, Allel-Zahl etc.) lassen sich dazu nutzen, um biologischen Sammlungen zu optimieren. Dies ist wichtig, wenn es sehr viele Herkünfte von Tomaten gibt aber nur eine begrenzte Kapazität diese zu erhalten und zu beschreiben. Man nutzt die Diversitätsmaße dann, um eine Kernsammlung (core collection) aus einer Gesamtsammlung zu definieren, die bei definierter Größe ein Maximum an Vielfalt repräsentiert (Marita et al., 2000). Hierbei können, genetische und morphologische Parameter berücksichtigt werden. Eine Einteilung von Sammlungen in einen intensiv beschriebenen und betreuten Kern und in eine Peripherie können zu einem gezielten Einsatz von begrenzten Erhaltungsressourcen genutzt werden.



Heatmap basierend auf genetischen Distanzen zwischen den Ringsorten. Erstellt von Mira Fink.

Literatur

Marita, J.M., Rodriguez, J.M., Nienhuis, J., 2000. Development of an algorithm identifying maximally diverse core collections. Genet. Resour. Crop Evol. 47, 515–526.