DIE ZEITSCHRIFT DES SENATS DER BUNDESFORSCHUNGSINSTITUTE

FORSCHUNGS Report

ERNÄHRUNG · LANDWIRTSCHAFT · VERBRAUCHERSCHUTZ

Schwerpunkt: Biologische Vielfalt und Ernährungsqualität

Energiepflanzenanbau und Biodiversitiät

Artenvielfalt ergebnisorientiert honorieren

Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz

1/2010

Guten Tag!

„So vielfältig wie das Leben selbst!" Sicherlich haben Sie diese Redewendung schon einmal gehört oder auch selbst benutzt. Tatsächlich hat das Leben in seiner Milliarden Jahre währenden Entwicklung eine unübersehbare Formenfülle hervorgebracht. Vielfalt ist geradezu ein Charakteristikum des Lebens.
Dass die biologische Vielfalt in vielen Teilen der Welt zurückgeht, ist mittlerweile Allgemeingut. In Deutschland gelten zum Beispiel über 30 Prozent der Pflanzenarten und rund 36 Prozent aller Tierarten als gefährdet. Das „Internationale Jahr der biologischen Vielfalt 2010" bietet eine Plattform, um auf diese Situation hinzuweisen, aber auch um ein Gefühl für den Wert von Biodiversität zu vermitteln und Schutzstrategien vorzustellen. Im Agrar- und Ernährungsbereich kann eine Form des Schutzes in der Nutzung liegen. Kulturpflanzensorten und Nutztierrassen können in

Lebendige Vielfalt

ihrer Vielfalt langfristig nur überdauern, wenn sie nicht nur als Belegexemplare in Genbanken konserviert werden, sondern wenn ihr genetisches Potenzial für die Züchtung genutzt wird und wenn die Produkte von den Verbraucherinnen und Verbrauchern nachgefragt werden. Warum nicht einmal eine unbekannte Apfelsorte probieren oder kosten, wie das Fleisch von Duroc-Schweinen oder einer anderen selten gewordenen Rasse schmeckt? Etwas Mut zum Experimentieren kann unseren Speisezettel bereichern und zu manch unerwarteten Geschmackserlebnissen führen.
A propos unerwartet: Unerwartet groß ist auch das Spektrum der Themen, die sich unter dem Begriff „Biologische Vielfalt" sammeln. In der aktuellen Ausgabe des ForschungsReports schlagen wir einen Bogen zur Ernährungsqualität – sicher nicht die erste Assoziation, die sich im Zusammenhang mit Biodiversität aufdrängt. Und doch muss man gar nicht so sehr um die Ecke denken, um hier Verbindungen herzustellen. Dass sich zum Beispiel die Vielfalt von Gewürzpflanzen auf die Qualität unserer Speisen und Gerichte auswirkt, liegt auf der Hand. Weniger offensichtlich ist da schon, dass die Produktbeschaffenheit von Lebensmitteln wie Käse oder Wurst nicht unerheblich von der Vielfalt der Mikroorganismen abhängt, die an ihrer Reifung beteiligt sind. Dabei steht die Frage im Raum: Wieviel Vielfalt ist sinnvoll und erwünscht? Zwei Beiträge geben hier Antwort.
Ernährungsqualität in anderer Sicht steht im Mittelpunkt unseres ersten Artikels: Wenn wir uns von Fisch ernähren wollen, muss zunächst die Ernährungsgrundlage für die Fische stimmen. Wie fragil und wie eng geknüpft die Nahrungsnetze in den Ökosystemen der Nord- und Ostsee sind, wird am Beispiel des Kabeljau geschildert.
Und dann darf man doch noch einmal um die Ecke denken – wenn es um die Biodiversität in der eigenen Nase geht. Der Genusswert des Essens hängt nicht unwesentlich von seinem Duft ab. Hunderte verschiedene Geruchsrezeptoren befinden sich in unserer Riechschleimhaut und vermitteln uns, wie appetitlich das riecht, was wir gerade in den Mund nehmen wollen. Durch moderne molekulare Methoden wird es möglich zu verstehen, was dort genau passiert.
Lassen Sie sich von der Vielfalt der Beiträge zum Thema Biodiversität im aktuellen Heft inspirieren!

Mit besten Grüßen

Prof. Dr. Dr. h.c. Thomas C. Mettenleiter
Präsident des Senats der Bundesforschungsinstitute

Berichte aus der Forschung

Klima und Kabeljau: Fehlt dem Nachwuchs das richtige Futter?
Über das fragile Beziehungsgeflecht in Nahrungsnetzen 4

Chemische Diversität bei Gewürzpflanzen 9

Die Biodiversität des Geruchssinns
Mit neuen Methoden die molekulare Funktion der Geruchsrezeptoren erfassen 13

Woher kommen die Hühner?
Molekulare Marker helfen bei der Abgrenzung genetischer Gruppen der Haushühner 16

Biodiversität und Leistung beim landwirtschaftlichen Nutztier 20

Mikrobiologisch-genetische Ressourcen bei Fleisch
Biodiversität und nachhaltige Nutzung bei der Herstellung von Fleisch-Erzeugnissen 24

Kleinste Helfer bei der Käseherstellung 27

Gesundes Gemüse – Was steckt dahinter? 31

Verborgene Schätze für mehr Ernährungsqualität
Genetische Ressourcen des Hafers 34

Energiepflanzenanbau und Biodiversität
Deutschlandweites Verbundprojekt EVA erforscht Alternativen zum Energiemaisanbau 38

Artenvielfalt bewirtschafteter Grünlandsysteme ergebnisorientiert honorieren
Ansätze zur Weiterentwicklung von Agrarumweltprogrammen 42

Portrait

Deutsche Genbank Obst (DGO) – Ein neues Konzept zur Erhaltung alter Obstsorten 46

Johann Heinrich von Thünen-Institut – Institut für Biodiversität 48

Friedrich-Loeffler-Institut – PopRep – ein neuer Web-Dienst 50

Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim – Mit Biogas und Biokohle zur Kohlenstoffsenke 52

Schlaglichter 53

Impressum 54

Der Forschungsbereich 55

Klima und Kabeljau:

Fehlt dem Nachwuchs das richtige Futter?

Über das fragile Beziehungsgeflecht in Nahrungsnetzen

Matthias Bernreuther (Hamburg) und Christopher Zimmermann (Rostock)

Das Schicksal von Fischeiern ist in aller Regel der Tod. Entweder die Eier werden nicht befruchtet oder sie sterben aufgrund von ungünstigen Umweltfaktoren, wie zum Beispiel Sauerstoffmangel, oder sie werden von Räubern gefressen. Aus einigen wenigen schlüpfen aber doch lebensfähige Fischlarven. Für diese gilt, so schnell wie möglich zu wachsen, da es mit zunehmender Größe immer weniger Fressfeinde gibt und die Larven gleichzeitig immer widerstandsfähiger gegenüber ungünstigen Umweltbedingungen und Nahrungsknappheit werden.

Zur richtigen Zeit am richtigen Ort

In der ersten Larvenphase gibt es speziell zwei Faktoren, die für das Überleben von besonderer Bedeutung sind: Die Verfügbarkeit von geeignetem Futter insgesamt, die räumliche Verteilung der Larven im Verhältnis zu dieser Nahrung sowie zu potenziellen Räubern. Während unmittelbar nach dem Schlupf häufig zunächst ein Dottersack für die Ernährung der Larve sorgt, muss sie spätestens wenn dieser Vorrat langsam zur Neige geht geeignete Nahrung finden.

Das Timing vom Produktionszyklus der Nahrungsorganismen und dem Laichgeschäft der Fische spielt die entscheidende Rolle für den Rekrutierungserfolg: Je genauer das Vorkommen der Larven und das geeignete Nahrungsangebot zeitlich synchronisiert sind, desto größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass sich aus den Jungfischen oder Rekruten ein großer Jahrgang entwickelt. Das Einsetzen des Produktionszyklus und damit das Auftreten von geeignetem Futter für die Fischlarven hängen aber entscheidend vom Klima ab.

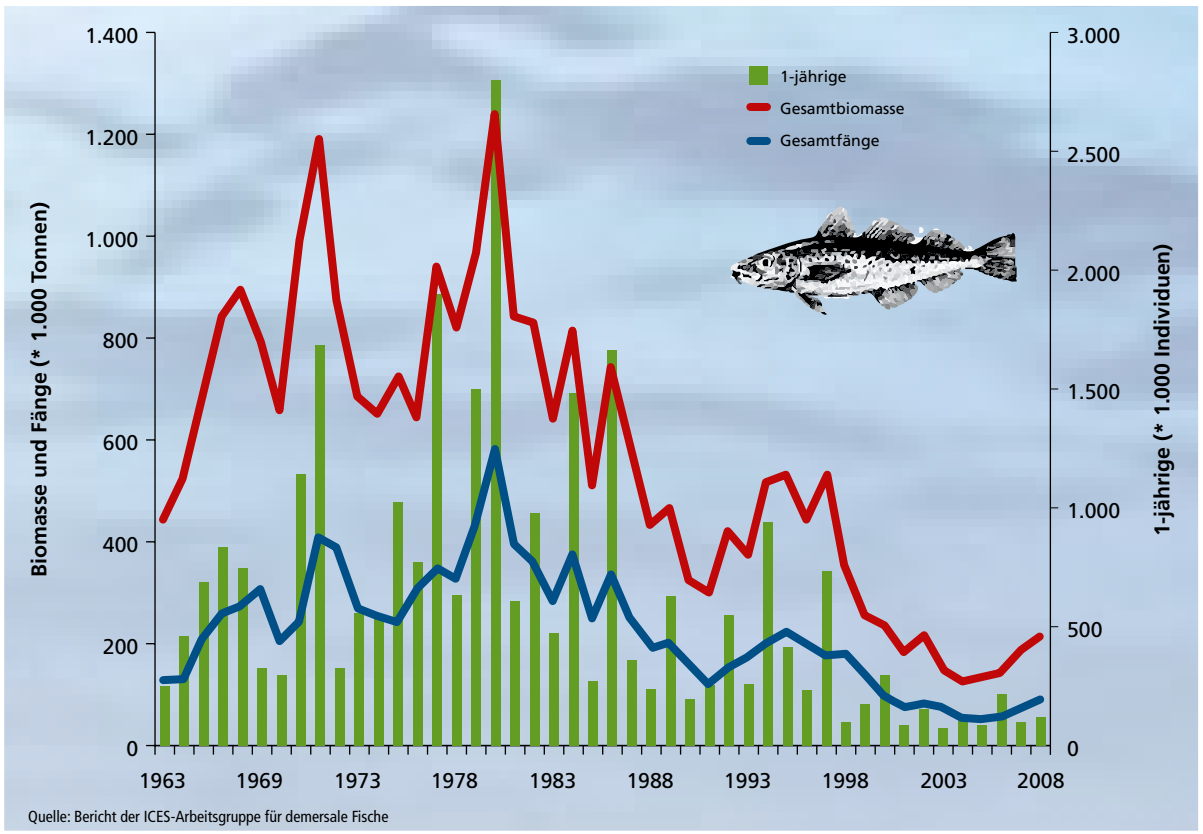
Sowohl in der Nordsee als auch in der Ostsee konnte in den vergangenen Jahrzehnten der Einfluss des Klimas auf das Nahrungsnetz und insbesondere auf einzelne kommerziell genutzte Fischarten untersucht werden. Der wirtschaftlich bedeutende Kabeljau/Dorsch (*Gadus morhua*), der immer wieder exemplarisch für die Auswirkungen von Überfischung angeführt wird, ist ein gutes Beispiel dafür, wie sich langfristige klimatische Veränderungen auf die Nutzbarkeit von Fischbeständen – und speziell auf den Erfolg der Rekrutierung von Jungfischen – auswirken.

Der Kabeljau (der in der Ostsee traditionell Dorsch genannt wird) ist ein meist bodennah vorkommender Räuber, der vor allem in kalten und gemäßigt kalten Gewässern der Nordhalbkugel vorkommt. Er wird vor allem in der Schleppnetzfischerei gefangen und erreicht bei maximal 150 cm Länge ein Gewicht von bis zu 40 kg (Abb. 1).

Abb. 1: Ein frisch gefangener erwachsener Dorsch aus der Ostsee

C. Zimmermann, vTI-OSF

Abb. 2: Entwicklung des Kabeljaubestandes der Nordsee von 1963 bis 2008. Gesamtbiomasse (rote Linie), Gesamtfänge (blaue Linie) und die 1-jährigen Rekruten (grüne Säulen).



Die Bestandsentwicklung des Nordsee-Kabeljaus und des Ostsee-Dorschs wird seit vielen Jahrzehnten vom Institut für Seefischerei und vom Institut für Ostseefischerei des Johann Heinrich von Thünen-Instituts (vTI) bzw. den Vorgängereinrichtungen kontinuierlich erfasst.

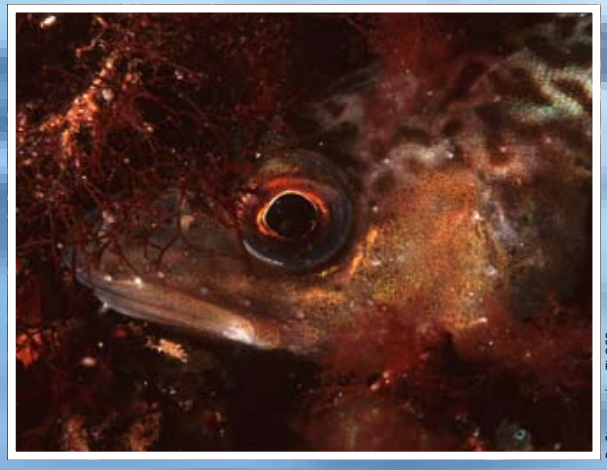
Kabeljau in der Nordsee

In der ersten Hälfte des 20. Jahrhunderts lagen die Gesamtfänge des Kabeljaus in der Nordsee jährlich um 100 000 t. In den 1960er Jahren nahm die Bedeutung des Kabeljaus in der Fischerei stark zu, bis Ende der 1970er Jahre wurden bis zu 370 000 t jährlich gefangen. In den folgenden Jahrzehnten sanken die Anlandungen zunächst auf die Werte der ersten Hälfte des 20. Jahrhunderts, um in den letzten Jahren auf einen historisch betrachteten Tiefststand von unter 30 000 t zu fallen (Abb. 2). Dieser Zusammenbruch des Kabeljau-Bestandes hätte bereits in den 1960er Jahren stattfinden können, da aus fischereiwissenschaftlicher Sicht der Kabeljau schon seit Mitte der 1960er Jahre überfischt wurde. Warum ist es aber erst mit Beginn der 1980er Jahre zu einer Abnahme, beziehungsweise zu einem Zusammenbruch des Bestandes als Folge der Überfischung gekommen? Dies lässt sich zum Teil mit der Nahrung des Kabeljaus und dem Einfluss des Klimas auf die Entwicklung dieser Nahrung erklären.

Falsches Futter für den Nachwuchs?

Analysen der Planktonzusammensetzung in der Nordsee machen deutlich, dass in dem Zeitraum von 1963 bis 1983 für den Kabeljaunachwuchs sehr günstige Nahrungsbedingungen herrschten: Durch kühlere Wassertemperaturen in der Nordsee veränderte sich Anfang der 1960er Jahre die Zusammensetzung des Planktons. Der für Kabeljau-Larven wichtige Ruderfußkrebs *Calanus finmarchicus*, eine Art, die eher kälteres Wasser bevorzugt, verschob zeitlich seinen Entwicklungszyklus und nahm zudem auch an Individuendichte zu, so dass es zu einer sehr guten Überlappung zwischen Räuber (Kabeljaularve) und Beute (Ruderfußkrebs) kam. Diese Veränderung führte zu einer verstärkten Rekrutierung junger Kabeljaus, was in der beschriebenen Periode von 1963 bis 1983 genügte, um einen Ausgleich für die Entnahme durch Überfischung zu schaffen.
Gegen Ende der 70er und Anfang der 80er Jahre änderte sich diese Situation. Durch eine Zunahme der Wassertemperaturen, als mögliche Folge einer Klimaerwärmung, wurden die Lebensbedingungen für *C. finmarchicus* ungünstiger, so dass die Dichte (Abundanz) dieses wichtigen Futtertieres abnahm und sich demzufolge die Nahrungssituation der Kabeljau-Larven verschlechterte. In Kombination mit der sehr starken Befischung des Kabeljaus führte dies zu einer starken Abnahme bis hin zum Zusammenbruch des Bestandes. Während die Abundanz von *C. finmarchicus* zurückging, nahm ein an-

derer Ruderfußkrebs, *Calanus helgolandicus*, stark zu. Dieser Krebs ist durch einen anderen Entwicklungszyklus gekennzeichnet. Das größte saisonale Vorkommen weist diese Art im Herbst auf, zu einem Zeitpunkt, an dem die jungen Kabeljau bereits größere Futtertiere benötigen. Dadurch steht *C. helgolandicus* den Kabeljaularven nur bedingt zur Verfügung. Selbst wenn die Fangquoten ausreichend reduziert würden, sind die Erholungsaussichten für den Nordseekabeljau nicht vergleichbar gut, da sich die Ernährungssituation für den Kabeljau-Nachwuchs in der Nordsee bislang nicht verbessert hat.
Es wäre insgesamt jedoch zu einfach, die ausbleibende Erholung des Kabeljaubestandes in der Nordsee nur mit der Überfischung und einer Verschlechterung der Nahrungsbedingungen als Folge der zunehmenden Wassertemperaturen zu erklären. Es existieren noch andere Faktoren, die indirekt mit der Erwärmung zusammenhängen und aufgrund derer sich der Kabeljaubestand in den letzten Jahren nicht erholt hat. Einen dieser möglichen Faktoren untersucht das Institut für Seefischerei verstärkt – den Grauen Knurrhahn.



D. Stepputtis, vTI-OSF

Abb. 4: Junger Dorsch am Meeresboden

Der Räuber des Räubers

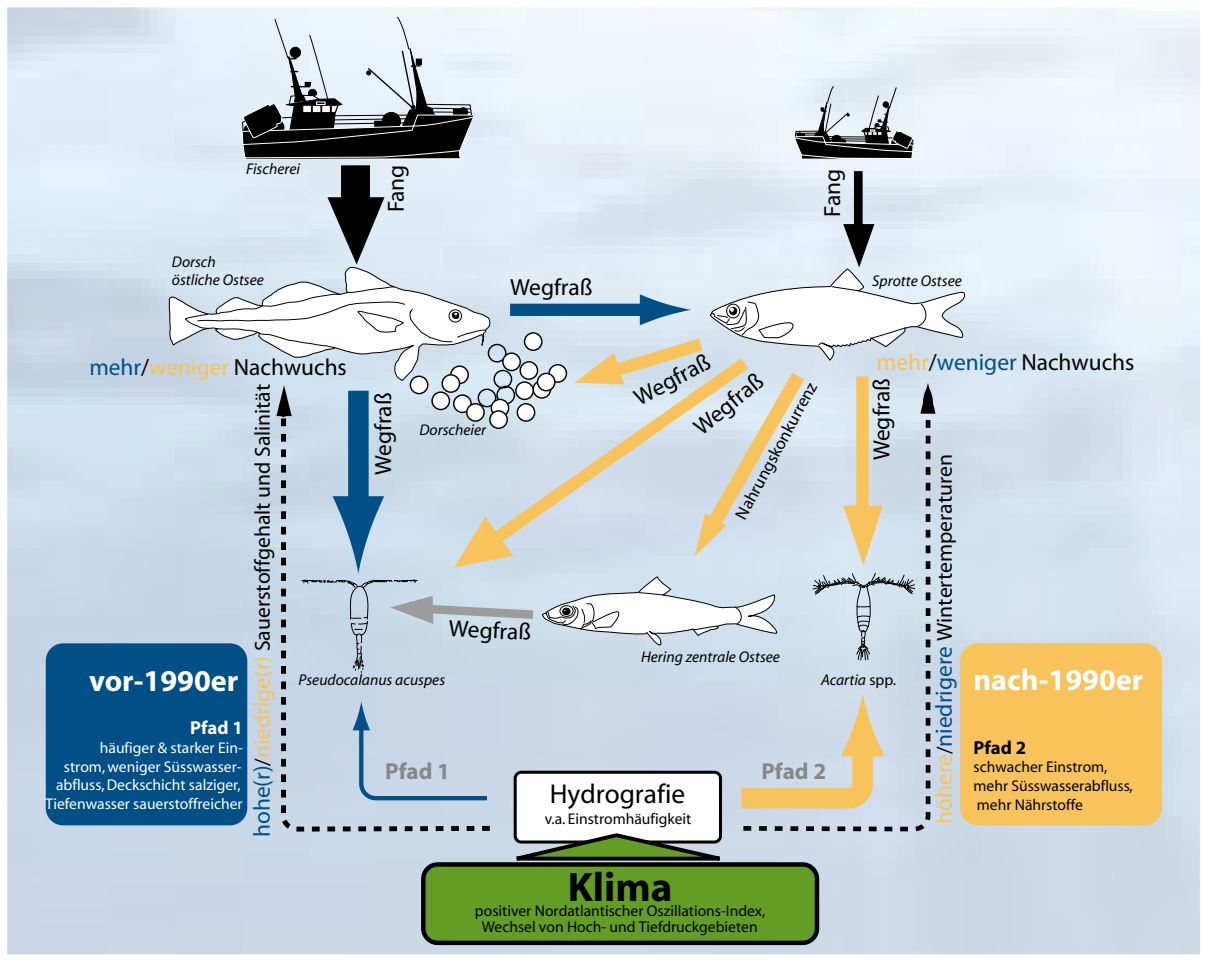
Der Graue Knurrhahn (*Eutrigla gurnardus*, Abb. 3) gehört zu den Arten, die vom Rückgang des Kabeljaubestands profitiert haben und gleichzeitig möglicherweise eine Erholung des Kabelbaubestands verhindern: Seit Ende der 1980er Jahre hat der Knurrhahn in der Nordsee deutlich zugenommen, wie die Daten der jährlichen Forschungsreisen des vTI belegen. Der Graue Knurrhahn war offensichtlich in der Lage, einen Teil der ökologischen Nischen zu besetzen, die durch die Abnahme von Kabeljau und Co. frei geworden waren.
Durch seine geringe Maximalgröße von 45 cm hat sich der Knurrhahn vor allem auf das Fressen von Fischbrut spezialisiert. Mageninhaltsuntersuchungen zeigen, dass der Knurrhahn zeitweilig intensiv junge Kabeljau frisst. Bei größeren Knurrhähnen (über 30 cm) lag der Anteil an jungen Kabeljau im Magen bei bis zu 32 %, die meisten unter 10 cm lang. Ein großer Anteil des Kabeljaunachwuchses fällt also anderen Fischen wie dem Grauen Knurrhahn zum Opfer. Hinzu kommt, dass sich bei steigender Wassertemperatur die Vorkommen von großen Knurrhähnen und juvenilem Kabeljau stärker überlappen. Dies zeigt, dass Veränderungen im Klima auch einen Einfluss auf die Prozesse innerhalb des Nahrungsnetzes haben.
Der Wegfraß durch andere Tiere ist ein Faktor, der im Management der Bestände nicht vernachlässigt werden darf. Leider ist dies in den meisten Bestandsberechnungen und Vorhersagen noch immer der Fall. Deshalb wird am Institut für Seefischerei der Einfluss von Räuber-Beute-Beziehungen auf die Fischbestände der Nordsee intensiv untersucht. In der Mehrartenmodellierung, welche die Nahrungsbeziehungen der verschiedenen Arten untereinander berücksichtigt, werden verschiedene mögliche Zukunftsszenarien simuliert. Auf diese Weise kann getestet werden, ob aktuelle Managementpläne auch dann funktionieren, wenn Mehrarteneffekte einbezogen werden. Ziel sind neue Managementstrategien, die im Einklang mit dem Ökosystemansatz stehen. In diesem Ansatz wird gefordert, dass Fischerei nicht nur für die Zielart nachhaltig ist, sondern für das gesamte Ökosystem.

Abb. 3: Grauer Knurrhahn

Dorsch in der Ostsee

Der in der Ostsee in zwei Beständen vorkommende Dorsch ist der „Brotfisch" der kommerziellen Fischerei und auch für die Angler die bedeutendste Zielart. Anfang der 1980er Jahre wuchsen beide Dorschbestände, vor allem aber der östliche, durch Jahre mit guter Nachwuchsproduktion stark an; die Fischerei landete in den folgenden Jahren bis zu 440 000 t aus beiden Beständen an (1984).
In der Ostsee hängt die Rekrutierung in besonderem Maße von den Umweltbedingungen ab: Dorscheier können sich nur in salz- und sauerstoffreichem Wasser entwickeln. Beides ist in der Ostsee jedoch limitiert: Die tiefen Becken sind häufig sauerstoffarm, das Oberflächenwasser dagegen stark ausgesüßt. Die Schicht dazwischen, die für die Eientwicklung noch geeignet ist, kann in einigen Jahren bis auf wenige Meter Dicke schrumpfen. Salz und Sauerstoff können bei bestimmten Wetterlagen aus der Nordsee eingetragen werden, „Einstromsituationen" verbessern daher die Nachwuchsproduktion des Dorschs unmittelbar. Leider sind diese Einstromsituationen seit

Abb. 5: Veränderung des Nahrungsgefüges in der zentralen Ostsee (aus Hammer et al. 2008, nach einer Idee von C. Möllmann, verändert).



Beginn der 1990er Jahre immer seltener geworden. Dies hat – verbunden mit einer erheblichen illegalen Überschreitung der ohnehin häufig zu hoch angesetzten legalen Fangquote in der östlichen Ostsee – dazu geführt, dass die Fangmengen von fast 400 000 t auf weniger als 50 000 t zurückgegangen sind.

Die Wissenschaft musste daher viele Jahre eine Einstellung der Fischerei im Osten empfehlen, wenn der östlichen Bestand schnell und sicher wieder aufgebaut werden sollte. Erst seit 2006 wächst der Bestand wieder an, verursacht durch eine Kombination aus stärkerem Nachwuchs (Abb. 4) und stringenterer Durchsetzung der Höchstfangmengen. Der Regierungswechsel in Polen hatte hier unmittelbarere Effekte als die Einrichtung eines EU-Managementplanes zum gleichen Zeitpunkt, der nun aber den Anstieg der Höchstfangmengen dämpft und damit eine schnelle Erholung des Bestandes sicherstellt.

Die Dorsch-Sprott-Schaukel

Die für den Nordsee-Kabeljau beschriebenen Mechanismen wirken auch auf den Ostsee-Dorsch, hier aber noch deutlicher überlagert durch Änderungen der Umweltbedingungen (Abb. 5). Wie in der Nordsee hängt das Überleben der jungen Fischlarven unmittelbar vom Vorhandensein passender Nahrung ab. Bedingt durch geringen Sauerstoff- und Salzgehalt in der östlichen Ostsee hat die Abundanz des Ruderfußkrebses *Pseudocalanus acuspes* in den 1980ern und 90ern abgenommen, was unmittelbar zu einem geringeren Rekrutierungserfolg des Dorschs geführt hat. Selbst bei verbesserten Überlebensraten der Eier durch kräftige Salzwassereinströme kann so der Dorschbestand insgesamt nicht wieder aufgebaut werden, weil die Mortalität der Larven hoch bleibt. Jetzt kommt wie in der Nordsee eine weitere Fischart ins Spiel: die Sprotte.

Als eine der wesentlichen Beutearten des erwachsenen Dorschs hat sie direkt vom schlechten Zustand der Dorschbestände profitiert. Darüber hinaus haben hohe Wassertemperaturen und milde Winter die Nachwuchsproduktion der Sprotte zusätzlich befördert: Die Sterblichkeit der Eier ist bei höheren Temperaturen geringer, gleichzeitig nimmt die Abundanz der bevorzugten Nahrung der Sprottlarven, Ruderfußkrebse der Gattung *Acartia*, deutlich zu. Infolgedessen ist der Sprottenbestand der Ostsee in den letzten zehn Jahren auf ein Rekordniveau angewachsen. Er konkurriert nun mit den verblie-

benen Dorschlarven auch noch um deren bevorzugte Nahrung. Und schließlich wandelt sich der Gejagte zum Jäger: Erwachsene Sprotten fressen die ohnehin nur noch spärlichen Dorscheier und haben aufgrund ihrer enormen Anzahl plötzlich einen zusätzlichen negativen Effekt auf den Dorschbestand. Die Räuber-Beute-Kontrolle hat sich umgedreht.

Dorsch, der gejagte Räuber, hat in der östlichen Ostsee in den letzten Jahren möglicherweise mit einer Verlagerung der Hauptlaichzeit in den Sommer auf diesen Fraßdruck reagiert – zu dieser Zeit ist die räumliche Überlappung der Dorscheier mit Sprotten minimal. Das Institut für Ostseefischerei arbeitet intensiv an Fragen zum Laichzeit-Timing und zur Verbreitung der verschiedenen Lebensstadien von Dorsch und Sprott, um diese komplexen Mechanismen weiter aufzuklären und letztlich effektive Maßnahmen für eine nachhaltige Bewirtschaftung aller Ostseebestände ableiten zu können.

Noch nicht angesprochen wurden Effekte des Kannibalismus: Der Dorsch hat durch seine geringe Abundanz in den letzten 15 Jahren kaum nennenswerten direkten Fraßdruck auf seine eigene Brut ausgeübt, die Sprotte hingegen schon. Bei einem schnell zunehmenden Dorschbestand in der östlichen Ostsee ist anzunehmen, dass die Sprottenbiomasse deutlich abnimmt, gleichzeitig aber auch der Kannibalismus der Dorsche wieder ansteigt und die Bestandsgröße sich schnell selbst reguliert. Wie weit die Dorschbiomasse unter den derzeitigen Umweltbedingungen anwachsen kann, ist noch nicht bekannt.

Effektives Fischerei-Management

Die Fischerei beeinflusst intensiv die Bestandsdichte und Verbreitung von Fischen. Vor diesem Hintergrund wird es immer wichtiger, die Wechselwirklungen zwischen natürlicher Sterblichkeit (z. B. durch Räuber oder Parasiten) und Fischerei im Zusammenhang mit einer Klimaänderung zu untersuchen.

Die nachhaltige Fischerei der Zukunft hängt von einem effektiven Management der fischereilichen Aktivität ab, welche wiederum das Wissen um den Zusammenhang zwischen Klimaänderung, Produktivität und Verbreitung von bewirtschafteten Beständen voraussetzt. In diesem Zusammenhang gibt die Forschung der vTI-Institute für Seefischerei und für Ostseefischerei Fischereimanagern die Möglichkeit, sich auf klimabedingte, ökologische Änderungen einzustellen, noch bevor sie eintreten. ■

Dr. Matthias Bernreuther, Johann Heinrich von Thünen-Institut, Institut für Seefischerei, Palmaille 9, 22767 Hamburg.
E-Mail: matthias.bernreuther@vti.bund.de.
Dr. Christopher Zimmermann, Johann Heinrich von Thünen-Institut, Institut für Ostseefischerei, Alter Hafen Süd 2, 18069 Rostock.
E-Mail: christopher.zimmermann@vti.bund.de

R. Singer, BLE

Dorsch-Forschungshol vom Fischereiforschungskutter „Clupea"

Chemische Diversität bei Gewürzpflanzen

Hans Krüger und Hartwig Schulz (Quedlinburg)

Gewürzpflanzen treten uns in einer großen Vielfalt von Anis bis Zimt gegenüber. Sie sind die „sinnlichen" Komponenten in unserem Speiseplan: Sie sorgen für den Duft, verfeinern den Geschmack und können als Garnitur sogar das Auge erfreuen. Viele Kräuter wecken als „Kulturträger" Assoziationen an Regionen und Lebensstile (Kräuter der Provence) oder begleiten uns in saisonalen Produkten (Zimtsterne) durch die Jahreszeiten. Auch wenn Gewürzpflanzen nur einen vergleichsweise geringen Anteil am Gesamtspektrum der zu erhaltenden Pflanzenarten stellen, so könnte ein Verlust bestimmter Formen doch zu einer Verarmung geschmacklicher Vielfalt führen und damit unsere Esskultur beeinträchtigen.

Obwohl Gewürzpflanzen seit Jahrhunderten in Gebrauch sind, unterscheiden sie sich von anderen Kulturpflanzen doch dadurch, dass sie erst am Beginn ihrer züchterischen Bearbeitung stehen. Das heißt, sie sind aus dem Stadium der Wildpflanze bislang kaum herausgetreten. In verschiedenen Ländern oder Regionen werden daher zum Teil ganz unterschiedliche Formen verwendet, die sich nicht nur in ihrer äußeren Erscheinung, sondern auch hinsichtlich ihrer würzenden Inhaltsstoffe unterscheiden können. So ist Basilikum nicht gleich Basilikum und Oregano nicht gleich Oregano. Doch trotz dieser Vielfalt spiegelt das, was in den Küchen der Welt zum Einsatz kommt, nur einen kleinen Teil der Diversität wider, die in den entsprechenden Gattungen und Arten

F. Pank, JKI

Abb.1: Verschiedene Thymian- und Bohnenkraut-Linien mit deutlichen Unterschieden in Farbe, Wuchs und Blühstadium.

enthalten ist. Auch ein Blick auf botanische Sammlungen in Gärten, Forschungseinrichtungen und Genbanken kann dies eindrucksvoll belegen (Abb. 1).

Mit neuen Methoden Inhaltsstoffe analysieren

Am Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz haben wir in den vergangenen Jahren eine umfangreiche chemische Evaluierung im Bereich der heimischen Arznei- und Gewürzpflanzen vorgenommen. Daher liegen heute im Julius Kühn-Institut (JKI) insbesondere für die Gewürzpflanzenarten Basilikum, Petersilie, Koriander, Thymian, Bohnenkraut, Dill, Sellerie, Fenchel, Kümmel, Oregano, Majoran und Zwiebel umfangreiche Informationen über ihre Inhaltsstoffe vor. Diese Evaluierungen waren teilweise die Voraussetzung für züchterische Aktivitäten, welche in einigen Fällen zu bemerkenswerten Erfolgen geführt haben. So entstanden zum Beispiel leistungsfähige einjährige Sorten bei Fenchel und Kümmel oder öl- und phenolreiche Formen bei Bohnenkraut und Thymian. Gerade die in Oregano, Thymian oder Bohnenkraut vorkommenden phenolischen Verbindungen haben in den letzten Jahren als natürliche Antibiotika und Pflanzenschutzmittel zunehmende Bedeutung erlangt, darüber hinaus werden diese funktionellen Pflanzeninhaltsstoffe auch in der Tierernährung und Veterinärmedizin vermehrt eingesetzt.

Um den Züchtungsprozess bei den einzelnen Gewürzpflanzenarten seitens der Inhaltsstoffanalytik möglichst effizient begleiten zu können, wurden im JKI zerstörungsfreie Schnellmethoden entwickelt, die es erlauben, mehrere Qualitätsparameter simultan innerhalb weniger Sekunden zu erfassen. So haben wir zum Beispiel für Fenchelfrüchte mittels Nah-Infrarotspektroskopie (NIRS) leistungsfähige Kalibrationen zur schnellen Vorhersage des ätherischen Ölgehalts sowie des Anetholgehalts entwickelt (Abb. 2). Auf dieser Basis gelang es, geeignete Hochleistungspflanzen aus einer Vielzahl von Kreuzungsnachkommen zu selektieren.

Vielfalt und Verbraucherwünsche

So sympathisch uns die Vielfalt auch erscheinen mag und so nützlich sie auch für die Auswahl bestimmter Eigenschaften ist, so sehr verlangen Verbraucher doch nach einer berechenbaren Qualität. Dies hat zur Folge, dass ähnlich wie beim Anbau von Kartoffeln und Getreide auch bei den Gewürzpflanzen durch Pflanzenzüchtung Sorten entwickelt wurden, welche den unterschiedlichen Qualitätsansprüchen der Verbraucher Rechnung tragen. Gegenüber den landwirtschaftlichen Kulturarten, welche seit Jahrhunderten einem intensiven Ausleseprozess unterworfen sind, besitzen Gewürzpflanzen jedoch selbst dann eine geringere Homogenität, wenn sie bereits über mehrere Jahre in Kultur genommen worden sind. Zunächst offenbart sich dies im morphologischen Erscheinungsbild.

Diversität ist daher nicht nur Ausdruck natürlicher Vielfalt, sondern auch Ergebnis züchterischer Bearbeitung. So finden wir bei Basilikum ganz unterschiedlich geformte Blätter, grün- oder rotblättrige Sorten (Abb. 3), groß- oder kleinblättrige Formen. Auch bei anderen Arten gibt es schon rein äußerlich Unterschiede, denken wir nur an kraus- oder glattblättrige Petersilie.

Bei den bisher geschilderten Gewürzpflanzenformen handelt es sich um jene Sorten und Herkünfte, welche bereits mehr oder weniger als Nutzpflanzen in Erscheinung getreten sind. Die Diversität innerhalb der zugehörigen Gattungen und Arten ist aber, wie bereits erwähnt, weitaus größer. Innerhalb der Gattung *Ocimum* (Basilikum) lässt sich nicht nur eine breite Artenvielfalt, sondern auch eine Reichhaltigkeit in den Inhaltsstoffprofilen erkennen. Dabei fällt auf, dass bei verschiedenen *Ocimum*-Arten äußere Merkmale mit bestimmten Inhaltsstoffprofilen ätherischer Öle verknüpft sind.

Abb.2: NIRS-Kalibrationsfunktion zur Bestimmung des ätherischen Ölgehalts in Fenchelfrüchten

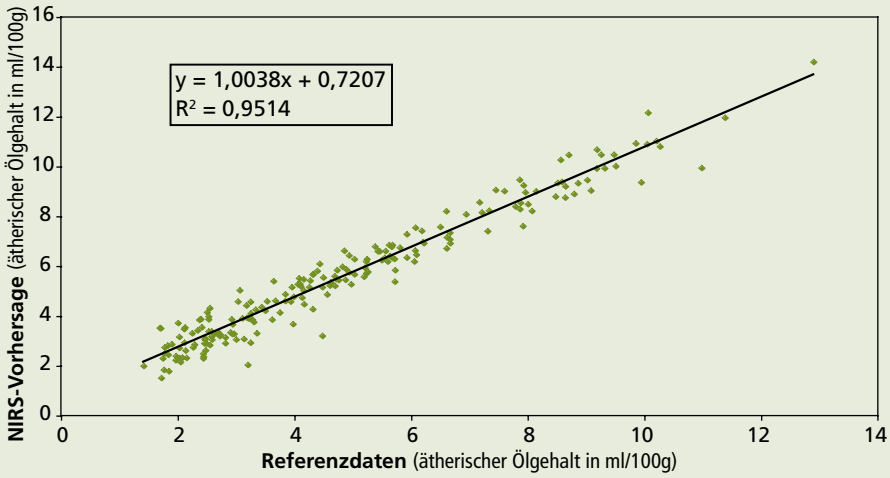


Abb. 3: Rot- und grünblättriger Basilikum

Nicht alle Inhaltsstoffe sind erwünscht

Für die im Gewürzbereich vorherrschende Basilikumart *Ocimum basilicum* sind in den vergangenen Jahren verschiedene neue Sorten gezüchtet worden, die sich im Wuchstyp, der Blattgröße und -farbe, aber auch bezüglich Duft und Aroma unterscheiden. Neben grünblättrigen Sorten werden heute auch rotblättrige, rot-grünblättrige sowie speziell duftende Sorten angeboten. Die Vermarktung erfolgt meist als Topfkultur, wobei sich mittelgroßblättrige, kompakte Sorten vom Typ „Genoveser" als besonders geeignet erwiesen haben.
Innerhalb des Sortenspektrums existieren zwei Chemotypen. Sorten wie „Genoveser", „Bavires" oder auch die rotblättrige Sorte „Opal" gehören zum mittelländischen Typ, der als Hauptkomponente im ätherischen Öl den Monoterpen-Alkohol Linalool enthält. Sorten wie „Mittelgroßblättriges Grünes" enthalten Estragol als Hauptkomponente und gehören zum sogenannten Réunion-Typ. Beide Typen können außerdem beträchtliche Mengen an Methyleugenol im ätherischen Öl enthalten.
Das Scientific Committee on Food (SCF) der Europäischen Union hat bereits im Jahr 2002 gefordert, auf Estragol und Methyleugenol in Lebensmitteln weitgehend zu verzichten, da für diese Substanz kanzerogene Wirkungen im Tierversuch nachgewiesen wurden. Ähnliche Verlautbarungen gab es auch vom damaligen Bundesinstitut für gesundheitlichen Verbraucherschutz und Veterinärmedizin (BgVV). Dies hat mit dazu beigetragen, dass Basilikumsorten des Estragoltyps heute weitgehend aus dem Sortenspektrum verschwunden sind.
Obwohl Methyleugenol als integraler Bestandteil von Gewürz-Basilikum angesehen werden kann, sollten aus toxikologischer Sicht nur geringe Gehalte dieser Komponente in der Pflanze vorhanden sein. Im Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz haben wir daher untersucht, wann und in welchem Ausmaß Methyleugenol in unterschiedlichen Basilikumsorten gebildet wird. Hierzu wurden in einem Feldversuch die grünblättrigen Sorten „Genova", „Bavires", „Aton", „Bageco", „Genua Star", „Sanremo", „Green Gate", „Genoveser" und „Mittelgroßblättriges Grünes" sowie die beiden rotblättrigen Sorten „Opal" und „Osmin" in Parzellen angebaut. Im Zeitraum Juli bis August wurden regelmäßig Proben entnommen und analysiert. Die Ergebnisse der Sortenvergleiche lassen bezüglich des Methyleugenol-Gehaltes drei wesentliche Schlussfolgerungen zu:

1. Basilikumsorten besitzen ein sehr unterschiedliches Ausgangsniveau hinsichtlich ihres Methyleugenol-Gehaltes.
2. Je später die Ernte erfolgt, desto geringer ist der Gehalt an Methyleugenol in der Pflanze (Abb. 4).
3. Rotblättrige Sorten enthalten generell mehr Methyleugenol als grünblättrige Sorten.

Untersuchungen zur Minderung toxikologischer Risiken, welche unmittelbar Belange des Verbraucherschutzes betreffen, konnten mit Arbeiten zur sensorischen Qualität, Homogenität und Unterscheidbarkeit im Rahmen der Registerprüfungen des Bundessortenamtes verknüpft werden. Während Basilikumtypen im Rahmen der Sortenzulassung neben der morphologischen Klassifizierung bisher nur anhand des Gehalts und des Profils ihrer ätherischen Öle bewertet und unterschieden wurden, gelang es, zusätzlich die gesundheitlich relevanten Aspekte von Methyleugenol und Estragol mit zu berücksichtigen.

Chemische Diversität am Beispiel Dill

Dass in verschiedenen Gewürzpflanzenarten unterschiedliche Sekundärstoffe vorkommen, ist nicht überraschend. Die chemische Diversität ist aber auch innerhalb der Arten anzutreffen. Wenn diese Verschiedenartigkeit in den Inhaltsstoffen ein erblich konstantes Merkmal ist, spricht man gelegentlich von Chemotypen oder auch von „Chemischen Rassen". Am Beispiel von Dillfrüchten kann man

Abb. 4: Der Methyleugenolgehalt unterschiedlicher Basilikumsorten in Abhängigkeit vom Erntezeitpunkt

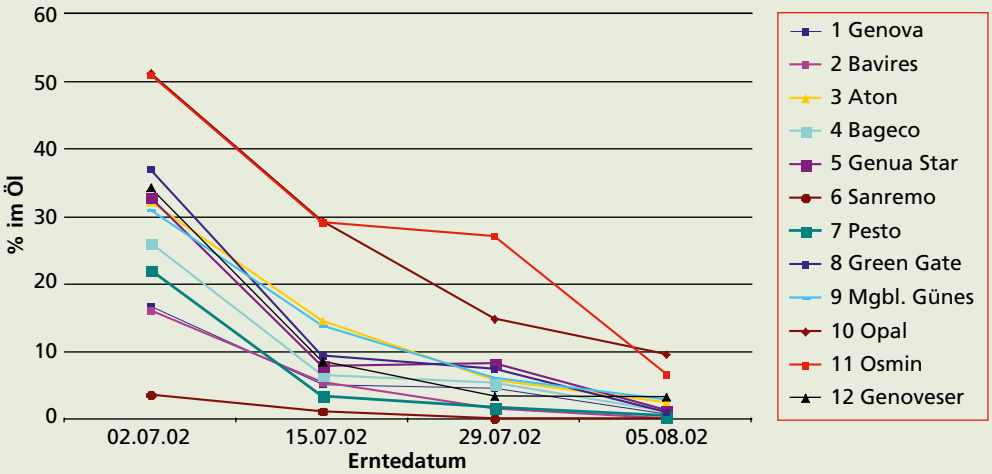


Abb. 5: Dillpflanzen im Bestand

sehen, dass weniger das äußere Erscheinungsbild, sondern vielmehr die Zusammensetzung der ätherischen Samenöle für die Charakterisierung der einzelnen Dill-Typen maßgeblich ist.

Bei Dill (Abb. 5) können zwei Basis-Chemotypen unterschieden werden. Beide enthalten als Grundkomponenten Limonen und Carvon. Sie unterscheiden sich durch das Vorhandensein bzw. Fehlen von Dill-Apiol, wobei die indische Subspezies *sowa* Dill-Apiol enthält, während dieser Inhaltsstoff bei den europäischen Rassen (subsp. *graveolens*) fehlt oder nur in Spuren vorhanden ist. Anwesenheit oder Fehlen von Myristicin unterteilt die Basis-Chemotypen jeweils in Untergruppen. Handelsüblicher Dill in Europa ist jener, welcher weder Dill-Apiol noch Myristicin enthält – in seinem ätherischen Öl ähnelt er damit dem Kümmel.

Vielfalt von der Art bis zu den Einzelpflanzen

Dass chemische Variabilität auch dann noch vorhanden ist, wenn bestimmte Herkünfte zur Sorte weiterentwickelt worden sind, ließ das eingangs erwähnte Beispiel „Thymian" bereits vermuten. Bei Salbei konnte anhand der Sorte „Extrakta" nachgewiesen werden, dass sich die Einzelpflanzen hinsichtlich der wertbestimmenden Komponente Thujon teilweise deutlich unterscheiden. In den ätherischen Ölen war die Keto-Verbindung zu Anteilen zwischen 0 und 45 % vertreten.

Es wird deutlich, dass chemische Diversität in Gewürzpflanzen von den Gattungen über die Arten bis in die Sorten reicht. Auch wenn hier nur skizzenhaft die chemische Vielfalt ausgewählter Gewürzpflanzen anklingen konnte, so reicht sie doch in unser tägliches Bewusstsein (und Unterbewusstsein) hinein und erstreckt sich von A wie Anis bis Z wie Zimt. ■

Dr. Hans Krüger, Dr. Hartwig Schulz, Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg.
E-Mail: hans.krueger@jki.bund.de

Anbau von Sellerie auf dem Versuchsfeld des JKI in Quedlinburg

Die Biodiversität des Geruchssinns

Mit neuen Methoden die molekulare Funktion der Geruchsrezeptoren erfassen

Dietmar Krautwurst (Freising/Weihenstephan)

Der Geruchsinn ist ein besonders eindrucksvolles Beispiel für Biodiversität – sowohl was die Anzahl der verschiedenen Geruchsrezeptoren (rund 390) betrifft als auch ihre individuell unterschiedliche Ausprägung. Welcher Geruchsstoff nun welchen Rezeptor am wirkungsvollsten aktiviert, ist für die allermeisten menschlichen Geruchsrezeptoren noch immer nicht bekannt. Neue, gentechnisch etablierte Zellsysteme und auf Fluoreszenz und Lumineszenz basierende bildgebende Verfahren erlauben es, die Funktion der Geruchsrezeptoren auf molekularer Ebene zu untersuchen.

Wie Riechen funktioniert

Riechen ist eine Sinnesleistung ähnlich wie das Sehen. Beim Sehen wird Lichtenergie von wenigen, speziellen Rezeptoren (z. B. Rhodopsin) in den Sehzellen aufgefangen und die Information über Nervenzellen ins Gehirn weitergeleitet. Beim Riechen sind es hunderte verschiedenartige Geruchsrezeptoren, die sich wie biomolekulare Schalter an der Oberfläche von Sinnesnervenzellen der Riechschleimhaut befinden, und tausende von flüchtigen, chemischen Signalen der Außenwelt auffangen. Von dort werden die Geruchsinformationen in Form elektrischer Signale an das Gehirn weitergeleitet und ermöglichen es uns, eine Vielzahl unterschiedlichster Gerüche zu erkennen, zu unterscheiden und hinsichtlich ihrer Qualität und Stärke zu analysieren.

Man kann drei Geruchsrezeptorfamilien unterscheiden, deren Gene für Rhodopsin-ähnliche, G-Protein koppelnde Rezeptoren kodieren:

1. Geruchsrezeptoren der Riechschleimhaut,
2. Vomeronasal-Typ-1 Rezeptoren,
3. Rezeptoren, die flüchtige Amine erkennen (sog. 'Trace Amine-Associated Receptors').

Die Erkennung einer Vielzahl von Geruchsstoffen – allein in Lebensmitteln sind ca. 8 000 flüchtige Substanzen bekannt – ist hauptsächlich durch die große Familie der Geruchsrezeptoren gewährleistet, die beim Menschen von rund 390 Genen kodiert werden (vgl. Tab. 1), die für entsprechend viele Rezeptorproteine stehen. Dabei kann ein Rezeptor durch mehrere Geruchsstoffe aktiviert werden, und ein Geruchsstoff kann unterschiedliche Rezeptoren aktivieren. Die kombinatorische Herausforderung ist also enorm, auch wenn man annimmt, dass nur eine überschaubare Anzahl biologisch relevanter Geruchsstoffe die besten Aktivatoren unserer Geruchsrezeptoren darstellen – zum Beispiel Pheromone aus dem Achselschweiß, oder die rund 5 % aller flüchtigen Verbindungen in Lebensmitteln, welche Schlüsselaromastoffe darstellen.

Schlüsselaromen sind diejenigen Geruchsstoffe, anhand derer wir Lebensmittel erkennen und bewerten. Sie kommen im Lebensmittel in Konzentrationen oberhalb der menschlichen Geruchsschwelle vor und bestimmen maßgeblich das Aroma des jeweiligen Produkts. Obwohl Schlüsselaromastoffe in allen publizierten Tests mit menschlichen Geruchsrezeptoren nur zu 30 % repräsentiert waren, sind die

besten Aktivatoren für bislang 19 identifizierte Rezeptoren zu 50 % Schlüsselaromastoffe (Abb. 1).
An der Deutschen Forschungsanstalt für Lebensmittelchemie (DFA) in Freising haben wir uns deshalb zum Ziel gesetzt, die molekularen Mechanismen zwischen Schlüsselaromastoffen und ihren Rezeptoren – und damit auch die Grundlagen des Geruchssinns – zu verstehen.

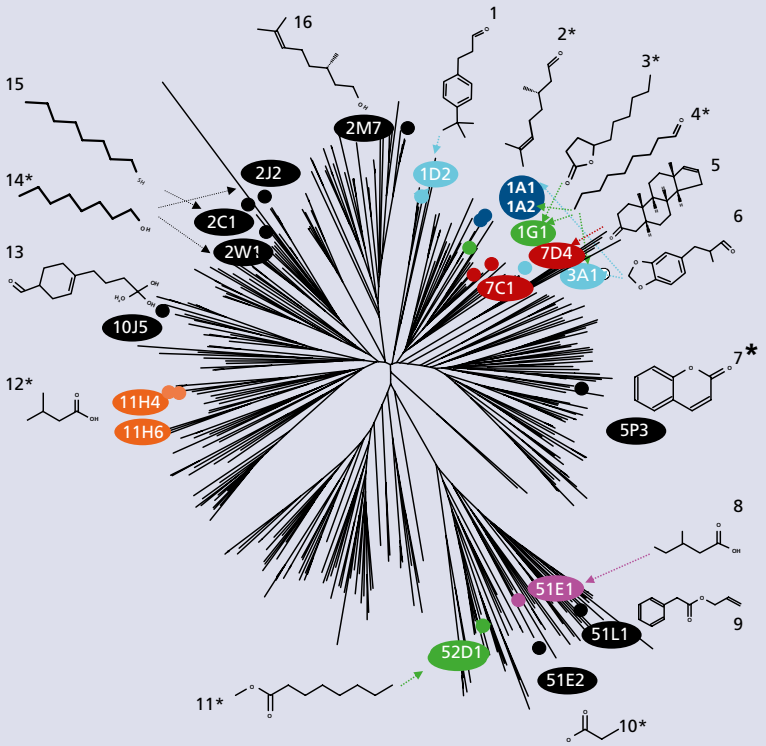
Gentechnisch erstellte ‚riechende' Zellen

Die Natur der Sache erfordert einen ganzheitlichen Forschungsansatz – das Klonieren aller menschlichen Geruchsrezeptoren sowie die Etablierung genetisch modifizierter Zelllinien und neuer Screening-Assays für das funktionelle Testen hunderter biologisch relevanter Geruchsstoffe gegen hunderte Rezeptoren. Zu diesem Zweck haben wir gentechnisch menschliche Zelllinien (HeLa/Olf) entwickelt, denen wir Geruchsrezeptorgene einpflanzen können (Abb. 2). Die entsprechenden Geruchsrezeptoren werden dann von den Zellen auf ihrer Zelloberfläche eingebaut, und sind damit in der Lage, Geruchsstoffe zu erkennen. Darüber hinaus besitzen diese Zellen für die Umwandlung eines chemischen Geruchsreizes in ein zelluläres Signal dieselben Biomoleküle wie auch die Sinnesnervenzellen der Nase. Bei einer solchen, durch einen Geruchsstoff ausgelösten Signalumwandlungskaskade entstehen in den HeLa/Olf-Zellen die Signalmoleküle Ca^{2+} und cAMP. Hier kann dann mit Hilfe einer gentechnisch in die Zellen eingebauten, cAMP-gesteuerten Luziferase Lumineszenz, bzw. nach Beladung mit Ca^{2+}-sensitiven Fluoreszenzfarbstoffen Fluoreszenz gemessen werden (Abb. 2).
75 % der proteinkodierenden Gensequenzen aller menschlichen Geruchsrezeptoren haben wir mittlerweile molekular kloniert. Mit einem automatisierten, bildgebenden Fluoreszenzmikroskop können wir nun hunderte von Zellen, denen wir gentechnisch denselben Geruchsrezeptor eingebaut haben, gegen viele Geruchsstoffe testen, oder denselben Geruchsstoff gegen Zellen mit zurzeit bis zu 290 verschiedenen Geruchsrezeptoren testen. Damit sind wir in der Lage, auch die unterschiedlichen Ausprägungen desselben Geruchsrezeptorgens bei verschiedenen Individuen auf molekularer Ebene zu untersuchen.

Tab. 1: Odorant-Rezeptor-Gene und ‚Pseudogene' im Genom ausgewählter Arten

Spezies	Proteinkodierende Geruchsrezeptor-Gene	Nicht-proteinkodierende Geruchsrezeptor-'Pseudogene'
Rind	1152	977
Maus	1063	328
Hund	822	278
Mensch	388	414
Biene	163	7
Zebrafisch	155	21

Abb. 1: Stammbaum 391 menschlicher Geruchsrezeptoren und bislang identifizierte Geruchsstoff-Rezeptor-Paare



Jeder Rezeptor ist durch eine Linie repräsentiert, deren Länge die Divergenz zwischen den Rezeptoren widerspiegelt.
* Schlüsselaromastoff.
Farbkodierte Geruchstoff-Rezeptor-Paare sind eigene, sowie der Literatur entnommene Daten. 1) Bourgeonal, 2) Citronellal, 3) γ-Decalacton, 4) Nonanal, 5) Androstenon, 6) Lilial, 7) Coumarin, 8) Methylpentansäure, 9) Allylphenylacetat, 10) Propionsäure, 11) Octansäuremethylester, 12) Methylbutansäure, 13) Lyral, 14) 1-Octanol, 15) 1-Octanthiol, 16) (-)-β-Citronellol.

Individuelle Ausprägungen von Geruchsrezeptoren

Untersuchungen haben gezeigt, dass über 90 % der Menschen eine unterschiedliche Ausprägung des Genrepertoirs an Geruchsrezeptoren aufweisen – dies wird nur noch von den Genen unseres Immunsystems übertroffen. Eine wichtige Erkenntnis der letzten Jahre war, dass die von Mensch zu Mensch punktuell auftretenden Unterschiede in der Primärstruktur der meisten Geruchsrezeptoren – sogenannte Einzelnukleotidpolymorphismen oder SNPs (single nucleotide polymorphism) – ein Grund für individuell unterschiedliche Geruchswahrnehmungen sein können, weil die Rezeptoren nicht mehr auf gleiche Weise arbeiten. Darüber hinaus besagen Genanalysen der Arbeitsgruppe um Ida Menashe am Weizmann-Institut in Rehovot, Israel, dass in Individuen oder ganzen Bevölkerungsgruppen aufgrund von SNPs ein Drittel unser 390 proteinkodierenden Geruchsrezeptoren nicht mehr funktionieren, beziehungsweise in ihrer Funktion so stark verändert sein könnten, dass einzelne Gerüche nicht mehr, nur noch schwach, oder sogar besser wahrgenommen werden können.

Sind individuelle Genveränderungen durch SNPs so ungünstig, dass sie den genetischen Code unterbrechen, können Pseudogene entstehen, die keine Proteine mehr kodieren, was den Verlust einzelner Geruchsrezeptoren bedeutet. Dies könnte bei den betroffenen Menschen zum Verlust bzw. Abschwächung der Wahrnehmung einzelner Gerüche führen. Umgekehrt wurde gezeigt, dass Mutationen aus Pseudogenen auch wieder Baupläne für funktionelle Rezeptorproteine machen können. Individuell unterschiedliche Wahrnehmung einzelner Geruchsstoffe sind seit Langem bekannt – zum Beispiel eine Anosmie (Wahrnehmungsverlust) für das schweißig-urinös riechende Androstenon (Stoffwechselprodukt des Sexualhormons Testosteron, verantwortlich u. a. für den unangenehmen Geruch von Eberfleisch). Jedoch erst seit einigen Jahren beginnt man zu verstehen, dass Veränderungen in der Gensequenz einzelner Geruchsrezeptoren die molekulare Ursache individueller Abweichungen des Riechvermögens sein können.

Auf der Ebene der Schlüsselaromastoffe und ihrer Rezeptoren bedeutet dies, dass eine individuelle Ausstattung mit unterschiedlich funktionierenden Geruchsrezeptoren eine unterschiedliche Wahrnehmung von Lebensmittelaromen bewirkt, und damit auch die Lebensmittelauswahl und das Ernährungsverhalten jedes Einzelnen beeinflussen könnte.

Komplexe Funktionen von Geruchsrezeptoren

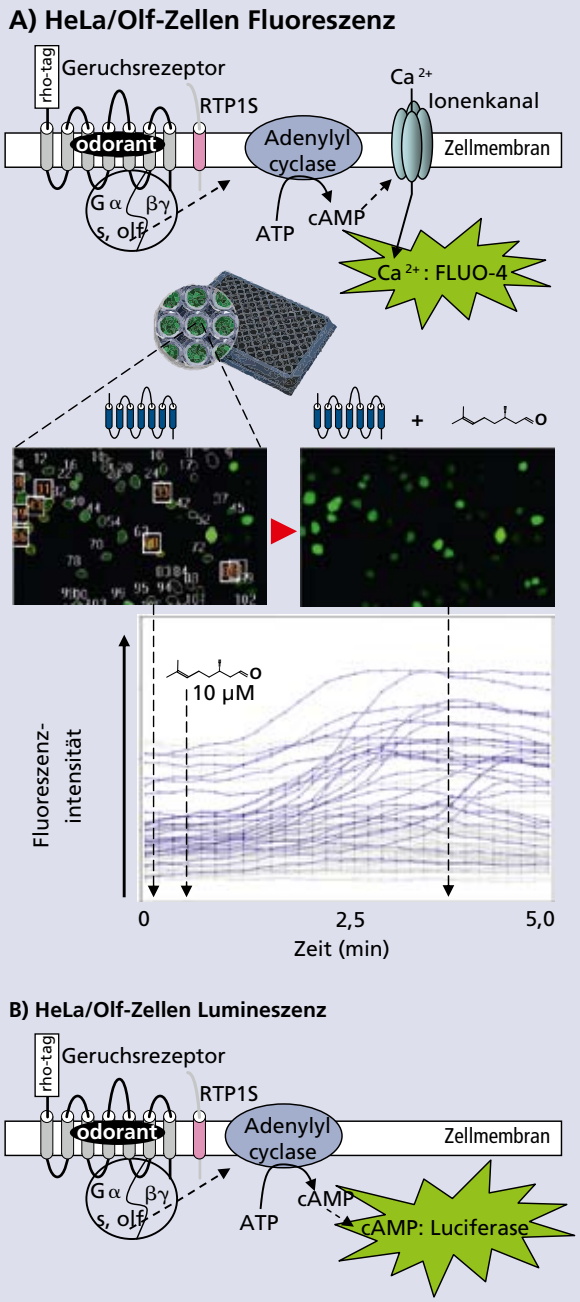
Durch experimentelle Befunde mehrerer internationaler Arbeitsgruppen weiß man, dass Geruchsrezeptoren nicht nur in der Nase, sondern in zahlreichen weiteren Organen und Geweben vorkommen (Tab. 2). Geruchsrezeptoren könnten damit auch außerhalb der Nase, in einem anderen Zellhintergrund völlig neue, wenn auch chemosensorische, Aufgaben erfüllen, z.B. die Chemotaxis von Spermien im Uterus (Chemotaxis – gerichtete Zellbewegung entlang eines chemischen Gradienten), oder die Regulierung der Darmmotililtät durch geruchsrezeptorgesteuerte Serotoninausschüttung.

Fast 20 Jahre nach der Entdeckung der Geruchsrezeptoren in der Nase hat sich die Komplexität des Wissensstandes über ihr Vorkommen, ihre genetischen Ausprägung und ihre möglichen Funktionen enorm erhöht. Nun gilt es, die Suche nach den jeweils besten Geruchs- bzw. Wirkstoffen zu intensivieren, um die Funktion der Geruchsrezeptoren in der Nase und den verschiedenen Geweben zu verstehen. ■

Tab. 2: Aktive Geruchsrezeptor-Gene in nicht-olfaktorischen Organen/Geweben

Herz	108
Lunge	93
Hoden	83
Leber	58
Geschmackspapillen der Zunge	7
Niere (Maus)	6
Darm	4
Prostata-Krebszellen	1

Abb. 2: HeLa/Olf-Zellen für die Fluoreszenz- und Lumineszenz-technische Messung von Geruchsstoffrezeptor-Signalen



A) In Zellen, die den menschlichen Odorant-Rezeptor OR1A1 tragen, kann nach Applikation des Geruchsstoffs (-)-Citronellal ein Anstieg der Fluoreszenzintensität über die Zeit gemessen werden. B) Alternativ kann geruchsstoffinduzierte Lumineszenz gemessen werden.

Dr. Dietmar Krautwurst, Deutsche Forschungsanstalt für Lebensmittelchemie (DFA), Lise-Meitner-Str. 34, 85354 Freising/Weihenstephan.
E-Mail: dietmar.krautwurst@lrz.tu-muenchen.de

Woher kommen die Hühner?

Molekulare Marker helfen bei der Abgrenzung genetischer Gruppen der Haushühner

Steffen Weigend (Neustadt-Mariensee)

Beim Haushuhn wie auch bei anderen Nutztierarten spiegelt das breite Spektrum an Rassen und Schlägen die Vielfalt wider, die sich während der Domestikation entwickelt hat.

Während sich im privaten Bereich eine große Anzahl von Liebhabern hobbymäßig der Rassegeflügelzucht widmet, hat sich die kommerzielle Hühnerzucht in den letzten Jahrzehnten auf wenige Unternehmen verdichtet, die hoch spezialisierte Linien der Mast- und Legerichtung züchten. Diese Zuchtprodukte haben aufgrund ihres hohen Leistungsniveaus schnell eine weltweite Verbreitung gefunden und leistungsschwächere Rassen aus der Nutzung verdrängt. Das Aussterben von Rassen bedeutet einen Verlust an genetischer Vielfalt. Wie hoch dieser Verlust ist hängt davon ab, wie eng verwandt die verdrängten Rassen mit anderen, noch existenten Rassen sind und wie viel Gemeinsames sie mit den wirtschaftlich genutzten Linien aufweisen. Vor diesem Hintergrund befasst sich das Institut für Nutztiergenetik am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) mit Aspekten der Domestikation, der Rassenvielfalt und der Charakterisierung genetischer Unterschiede mit neuesten molekulargenetischen Methoden beim Haushuhn.

Genetische Differenzierung weit vorangeschritten

Die heutigen Haushühner lassen sich im Wesentlichen auf das Rote Kammhuhn (*Gallus gallus*) mit seinen fünf Unterarten zurückführen. Neue Arbeiten deuten darauf hin, dass es zu Kreuzungen zwischen *Gallus*-Arten gekommen sein könnte und möglicherweise auch das Sonnerat-Huhn (*Gallus sonneratii*) zur Entwicklung unserer Haushühner beigetragen hat.

Ausgehend von den Domestikationszentren in Südostasien haben sich Hühner nach China, Persien und Ägypten ausgebreitet. Erste Hinweise auf Hühner im Mittelmeerraum stammen aus dem 8.–6. Jahrhundert v. Chr. Mit den Römern erfolgte eine weitere Ausbreitung nach Nordeuropa.

Nach 1900 setzte eine nahezu vollständige Trennung zwischen der Wirtschafts- und Rassegeflügelzucht ein. Beim Wirtschaftsgeflügel konzentrierte sich die Zuchtarbeit auf einige spezialisierte Unternehmen, die wenige, aber enorm leistungsstarke Linien herausbildeten. Während um 1900 noch etwa 40 Rassen allein in den Geflügelzuchtstationen Deutschlands registriert waren, beschränken sich heutige Zuchtlinien weltweit auf einige wenige Ausgangsrassen. Beispielsweise gehen alle wirtschaftlich genutzten Hühner, deren Eier eine weiße Schalenfarbe haben, auf eine einzige Rasse zurück – die Rasse Weißes Leghorn.

Bei Hühnern der braunschaligen Legerichtung sowie bei Mastgeflügel ist die Situation ähnlich, wenn auch deren Ausgangspool aus mehr als einer Rasse besteht.
Ein großer Teil der wirtschaftlich verdrängten Hühnerrassen wird bis heute von Hobbyzüchtern gepflegt (Abb. 1; Beispiel Vorwerkhühner). Folglich ist der Genpool der Haushühner einerseits in Rassen unterschiedlicher Regionen und Kontinente getrennt, andererseits in wirtschaftlich genutzte Linien und in lokale Rassen oder Hobbyzuchten. Mit Ausnahme des Leistungsniveaus ist bisher wenig über die genetischen Unterschiede zwischen diesen Gruppen bekannt.

Kurze DNA-Abschnitte liefern wertvolle Informationen

In den letzten 15 bis 20 Jahren konnten molekulargenetische Methoden wesentlich dazu beitragen, genetische Unterschiede bei Hühnern und anderen landwirtschaftlichen Nutztieren zu beschreiben. Die meisten Diversitätsstudien beim Huhn basieren auf 20 bis 30 molekularen Markern, so genannten Mikrosatelliten, innerhalb der Erbsubstanz DNA. Unter einem Marker versteht man einen Bereich im DNA-Strang, der zwischen Individuen verschieden (polymorph) ist. Bei Mikrosatelliten handelt es sich um kurze DNA-Sequenzen (zwischen 1 und 5 Basenpaaren), die sich mehrfach hintereinander wiederholen (repetitive Sequenzen). Dabei kann die Anzahl der Wiederholungen zwischen Individuen variieren.
Mikrosatelliten sind über alle Chromosomen des Genoms verteilt und lassen sich relativ einfach im Labor analysieren.

Rassen und Linien verschiedener Herkunft genetisch abgrenzbar

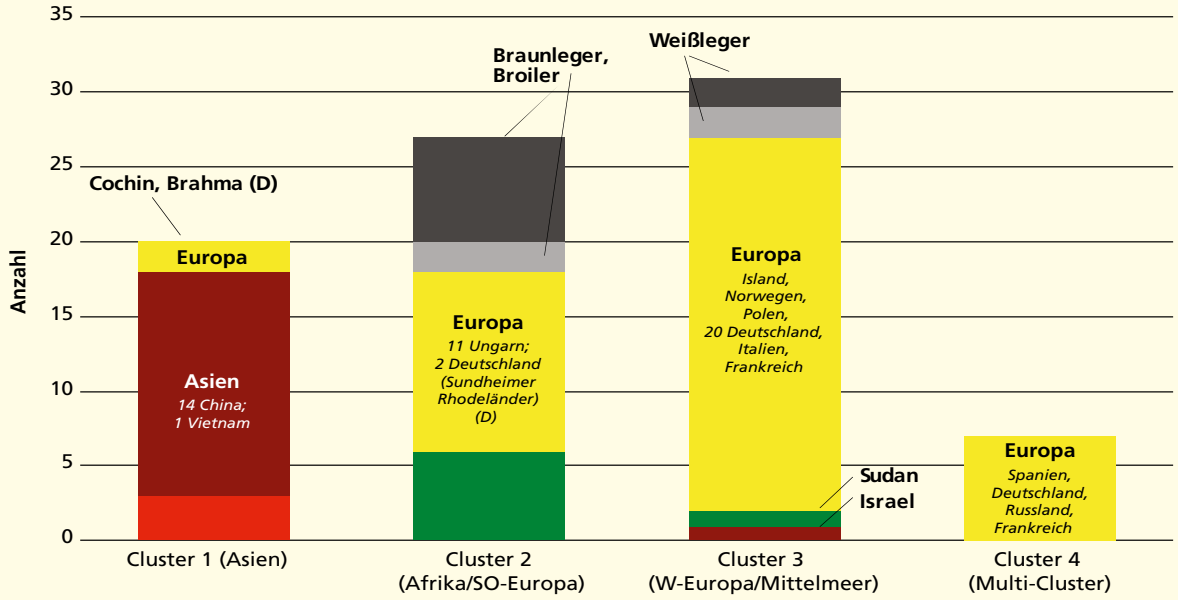
Unter Verwendung von Mikrosatelliten wurden im Institut für Nutztiergenetik des FLI in Mariensee beim Haushuhn umfangreiche Untersuchungen durchgeführt. Die in diese Untersuchungen einbezogenen Populationen umfassten zahlreiche lokale Hühnerrassen Europas, Asiens und Afrikas (Tab. 1). Als Referenz wurden außerdem Linien aus der Wirtschaftsgeflügelzucht (Legelinien mit weißer und brauner Eischalenfarbe, Mastrichtung) sowie zwei Unterarten des Roten Kammhuhns (*G. g. gallus* und *G. g. spadiceus*) einbezogen.
Eine erste Information über die genetische Variabilität innerhalb einer Population liefert der durchschnittliche Grad der Heterozygotie (Mischerbigkeit) in den analysierten Markerorten. Der beobachtete Heterozygotiegrad kann direkt durch Zählung heterozygoter Tiere relativ zur Gesamtzahl untersuchter Tiere ermittelt werden. Der erwartete Heterozygotiegrad einer Population lässt sich aus den Allelfrequenzen der einzelnen Loci für die jeweilige Population schätzen. In Abbildung 2 ist der erwartete (X-Achse) und der beobachtete (Y-Achse) mittlere Heterozygotiegrad von 85 Hühnerpopulationen aufgetragen. Die Linie zeigt den Wert an, wenn der erwartete Heterozygotiegrad gleich dem beobachteten wäre. Bei den meisten Populationen ist ein etwas geringerer Heterozygotiegrad zu finden als erwartet, was auf ein geringes Maß an Inzucht innerhalb der Populationen hinweist. Die Wildhuhnpopulationen weisen einen hohen Grad an Heterozygotie auf, während er zwischen den lokalen Rassen Europas erheblich variiert und insgesamt geringer als bei den untersuchten Populationen aus Asien und Afrika ist. Interessant ist der Vergleich zwischen den Linien der Wirtschaftsgeflügelzucht. Zuchtlinien der Mastrichtung (Broiler) sind offensichtlich variabler als die der Leger. Die Linien der weißschaligen Legerichtung rangieren am unteren Ende der Skala, während Braunlegerlinien einen mittleren Bereich einnehmen. In der Vergangenheit wurden Bedenken geäußert, dass die genetische Variabilität insbesondere in den Zuchtlinien der weißen Legerichtung erheblich eingeschränkt sei, da diese Linien von einer einzigen Rasse abstammen (Weißes Leghorn) und seit Generationen einer intensiven Selektion ausgesetzt sind. Die Ergebnisse weisen für die Rasse Weißes Leghorn tatsächlich eine geringere Variabilität auf, während die Braunlegerlinien und Broiler insgesamt eine beachtliche genetische Variabilität zeigen.
Unter der Annahme, dass genetisch weit voneinander entfernte Rassen oder Rassengruppen unterschiedliche genetische Eigenschaften tragen, hat eine systematische Gruppierung von Rassen Bedeutung für weitere Studien zur Identifizierung funktioneller Unterschiede. Mit speziellen statistischen Methoden können Individuen anhand

Tab. 1: Hühnerpopulationen, die in molekulargenetische Untersuchungen einbezogen wurden

Wildpopulationen		**Europa**	
G.g. gallus	2	Deutschland	27
G.g. spadiceus	1	Ungarn	11
		7 andere Länder	8
Kommerzielle Linien		**Asien**	
Weißleger	2	China	14
Braunleger	3	Vietnam	1
Masthuhn	4	Israel	1
Experimentelle Linien		**Afrika**	
Weißleger	2	Simbabwe	5
Braunleger	2	Malawi	1
		Sudan	1

Abb. 1: Vorwerkhühner aus dem Modellprojekt zur Erhaltung gefährdeter Geflügelrassen in Deutschland.

Abb. 3: Gruppierung von 85 Hühnerpopulationen anhand von 29 Mikrosatelliten, basierend auf einer Analyse der Populationsstruktur



molekularer Informationen entsprechend ihrer Ähnlichkeit in Gruppen unterteilt werden. Dabei zeigte sich, dass sich Hühnerpopulationen aus verschiedenen Kontinenten und mit unterschiedlicher Entwicklungsgeschichte in drei große Gruppen aufteilen (Abbildung 3). Eine vierte Gruppe fasst Populationen zusammen, die keiner der anderen drei Gruppen eindeutig zugeordnet werden können.

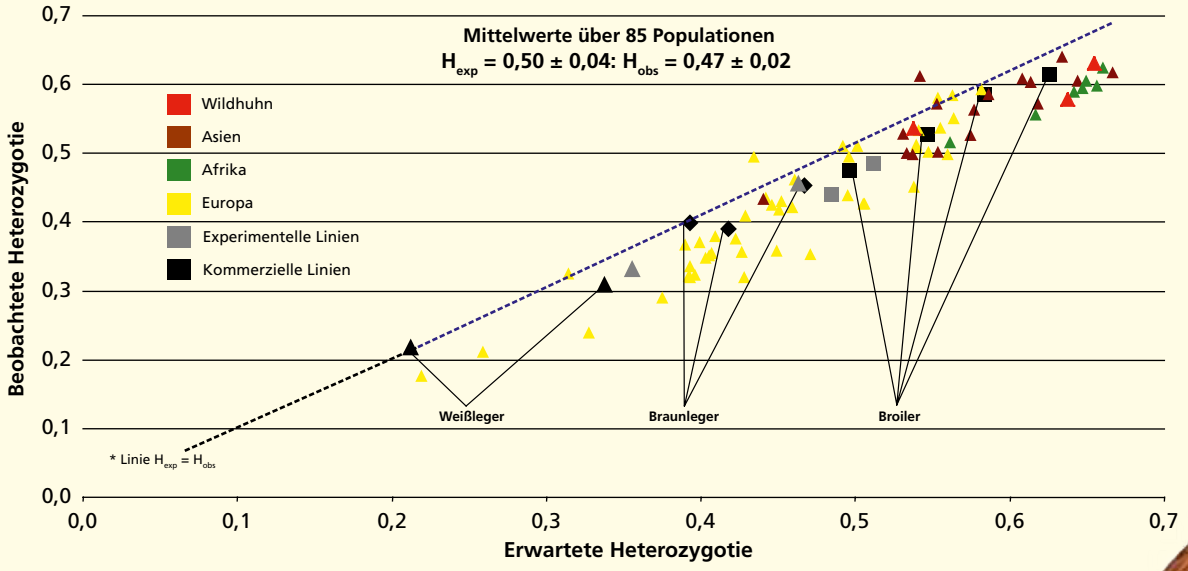
Auffällig ist, dass die Cluster 1 bis 3 vorrangig geographisch getrennte Populationen enthalten. Im Cluster 1 sind vor allem lokale Populationen aus Asien (China und Vietnam) sowie Wildhühner zu finden. Zwei Rassen jedoch, Cochin und Brahma, die aus Hobbyzuchten in Deutschland stammen, fallen ebenfalls in diese Gruppe. Beide Hobbyrassen zählen zu der Gruppe von Rassen, die erst vor rund 150 Jahren aus dem asiatischen Raum nach Europa eingeführt wurden. Das zweite Cluster wird dominiert von afrikanischen Hühnern aus Simbabwe und Malawi sowie Hühnerpopulationen aus Ungarn. In diesem Cluster findet man auch Zuchtlinien der Mastrichtung und der Braunleger, die jedoch bei tieferer Auflösung der Cluster eigene Gruppen bilden (Daten nicht gezeigt). Linien beider Richtungen sind miteinander näher verwandt als mit Weißlegern. Diese fallen in das dritte Cluster, das insbesondere lokale Hühnerrassen Mittel- und Nordeuropas vereint. Die Zuchtlinien der Weißleger haben ihren Ursprung in einer einzigen Rasse, dem Weißen Leghorn, das von einem italienischen Landhuhn abstammt.

Mütterlich vererbte Genome erlauben tieferen Einblick in die Stammesgeschichte

Wie bei anderen Nutztierarten wurden auch beim Huhn Polymorphismen in der mitochondrialen (mt)DNA für Studien der Stammesgeschichte genutzt. Mitochondrien sind Zellorganellen mit eigener DNA; sie werden ausschließlich über die Eizellen vererbt, also nur von der Mutter an die Nachkommen weitergegeben. Die mtDNA ist ein ringförmiges Molekül und enthält in einer Region, der so genannten „displacement loop" (D-loop) Region, Elemente, die die Vervielfältigung des DNA-Moleküls kontrollieren. Die D-loop-Region ist für Studien der geographischen Herkunft besonders geeignet, da sie sehr variabel ist und gegenüber der DNA in den Zellkernen eine wesentlich höhere Mutationsrate aufweist.

Frühe Arbeiten asiatischer Wissenschaftler untersuchten die D-loop Region von verschiedenen *Gallus*-Arten einschließlich des Roten Kammhuhnes (*Gallus gallus*) und einiger domestizierter Rassen. Die Ergebnisse sprechen für eine auf nur eine Stammform zurückge-

Abb. 2: Beobachteter (H_{obs}) und erwarteter Heterozygotiegrad (H_{exp}) von 85 Hühnerpopulationen, basierend auf der Analyse von 29 Mikrosatelliten



hende Abstammung unserer Haushühner vom Roten Kammhuhn in Thailand (monophyletische Abstammung). Neuere Arbeiten stellen diese Sichtweise jedoch in Frage. Sie stützen die Theorie, dass das Haushuhn mehrfach domestiziert wurde, wahrscheinlich in Südostasien und Indien und eventuell auch mehrere Arten aus der Gattung *Gallus* beigetragen haben könnten.

In Untersuchungen von MUCHADEYI et al. (2008) wurden Polymorphismen im D-loop der mtDNA bei afrikanischen Hühnern (aus Simbabwe, Malawi und Sudan) mit denen einige Zuchtlinien aus der europäischen Wirtschaftsgeflügelzucht verglichen. Dabei wurden drei große Gruppen beziehungsweise maternale Linien unterschiedlicher Abstammung identifiziert. In einer Gruppe waren sowohl afrikanische Hühner als auch Tiere der kommerziellen Zuchtlinien zu finden, während in einer zweiten Gruppe nur Hühner aus Simbabwe und Malawi auftraten. Ein Abgleich mit DNA-Sequenzen aus der Genbank lässt vermuten, dass der Ursprung der ersten maternalen Linie in Südostasien liegt, während der der zweiten „afrikanischen" maternalen Linie in Indien zu suchen ist. Die dritte maternale trat nur bei Wirtschaftsgeflügel auf und weist auf einen anderen Ursprung hin. Gegenwärtig gibt es international intensive Bemühungen, die vorhandenen umfangreichen Informationen auf der molekularen Ebene aus verschiednenen Arbeiten zusammenzuführen, um die noch offenen Fragen der Abstammungsgeschichte des Haushuhnes weiter abzuklären.

Rasante Entwicklung wird weitergehen

Molekulare Methoden sind unentbehrliche Werkzeuge zur Beschreibung der genetischen Diversität bei landwirtschaftlichen Nutztieren. Darauf können letztlich Bemühungen fußen, diese Vielfalt zu erhalten und zu schützen.

Der Kenntniszuwachs und die damit verbundenen technologischen Entwicklungen auf dem Gebiet der Molekulargenetik in den letzten Jahren sind rasant. Neueste Hochdurchsatztechnologien der Analyse zahlreicher Punktmutationen im Genom (Single Nucleotide Polymorphism, SNP) werden neue Einblicke in die Dynamik genetischer Diversität erlauben und unser Wissen fundamental erweitern. ■

Dr. Steffen Weigend, Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Nutztiergenetik, Bereich Züchtung und genetische Ressourcen, Höltystr. 10, 31535 Neustadt-Mariensee. E-Mail: steffen.weigend@fli.bund.de

Biodiversität und Leistung

beim landwirtschaftlichen Nutztier

Jens Vanselow und Martina Langhammer (Dummerstorf)

Insbesondere auf Extremstandorten, die durch schlechte Böden und Extremwetterereignisse geprägt sind, müssen verstärkt lokale und optimal angepasste Rassen, die mit diesen Bedingungen besser zurechtkommen, Berücksichtigung finden.

Nutztiere treten uns in großer Vielfalt entgegen. Diese Vielfalt hat sich als Anpassung an die unterschiedlichsten Anforderungen im Verlauf der Domestikation herausgebildet. Heutzutage liefern immer weniger Nutztierarten und -rassen einen substantiellen Beitrag zur tierischen Produktion. Die Erforschung der „funktionalen Biodiversität" bildet eine Voraussetzung für den Erhalt der genetischen Vielfalt als Basis der Züchtung, um auf sich verändernde Umweltbedingungen und wechselnde Verbraucherwünsche reagieren zu können.

Zunehmende Nachfrage

Die Nachfrage nach Nahrungsmitteln wird in den nächsten Jahrzehnten wegen der weiter wachsenden Weltbevölkerung enorm steigen. Nicht zuletzt durch den zunehmenden Wohlstand in den Schwellenländern (z. B. China) werden vor allem tierische Produkte wie Fleisch, Milch, Eier oder Fisch gefragt sein. Das führt dazu, dass die Agrarerträge weiter gesteigert werden müssen. In Deutschland beispielsweise konnte die Milchproduktion pro Kuh durch konsequente Leistungszucht seit 1950 nahezu verdoppelt werden. Ein einfaches Fortschreiben der Intensivierung, verbunden mit einer Fokussierung auf wenige Hochleistungsrassen und einer schleichenden Verarmung der genetischen Vielfalt, die als Grundlage für das Einkreuzen neuer Eigenschaften benötigt wird, ist allerdings wenig ratsam. Stattdessen wird es erforderlich sein, integrierte Systeme zu entwickeln, die sowohl die Erkenntnisse moderner Tierzucht ein-

Abb. 1: Unterschiedliche Schweinerassen

schließlich gendiagnostischer Verfahren als auch wichtige Prinzipien nachhaltigen Wirtschaftens berücksichtigen. Insbesondere auf Extremstandorten, die durch schlechte Böden und Extremwetterereignisse geprägt sind, müssen verstärkt lokale und optimal angepasste Rassen (Abb. 1), die mit diesen Bedingungen besser zurechtkommen, Berücksichtigung finden.

Agrobiodiversität als Voraussetzung für züchterischen Fortschritt

Ohne Zweifel hat die leistungsorientierte Tierzucht einen wesentlichen Beitrag zur Ernährungssicherung geleistet. Dabei ist zu beachten, dass nur ganz wenige Arten und Rassen eine herausragende wirtschaftliche Bedeutung haben. So bilden lediglich elf von insgesamt einigen hundert genutzten Tierarten die Grundlage für 95 % der tierischen Produktion in Deutschland. Dadurch besteht zunehmend das Problem, dass aufgrund mangelnder Wirtschaftlichkeit viele alte, lokale Arten und Rassen nicht mehr genutzt werden und damit in ihrem Bestand gefährdet sind.

Gerade wegen der relativ geringen Artenvielfalt der Agroökosysteme spielt die innerartliche genetische Diversität eine überragende Rolle für züchterische Fortschritte. Eine ständige Verbesserung quantitativer und qualitativer Eigenschaften von Nutztieren, wie Widerstandsfähigkeit, Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Umweltbedingungen (Klimawandel) und wechselnde Verbraucherwünsche, wird auch künftig von entscheidender Bedeutung sein. Es ist deshalb wichtig, die noch vorhandenen genetischen Ressourcen zu erfassen und Strategien zu ihrer Erhaltung zu entwickeln. Ein weiteres Verschwinden von gegenwärtig wirtschaftlich kaum oder nicht genutzten Tierarten und -rassen sollte vermieden werden.

Erforschung der funktionale Biodiversität beim Nutztier

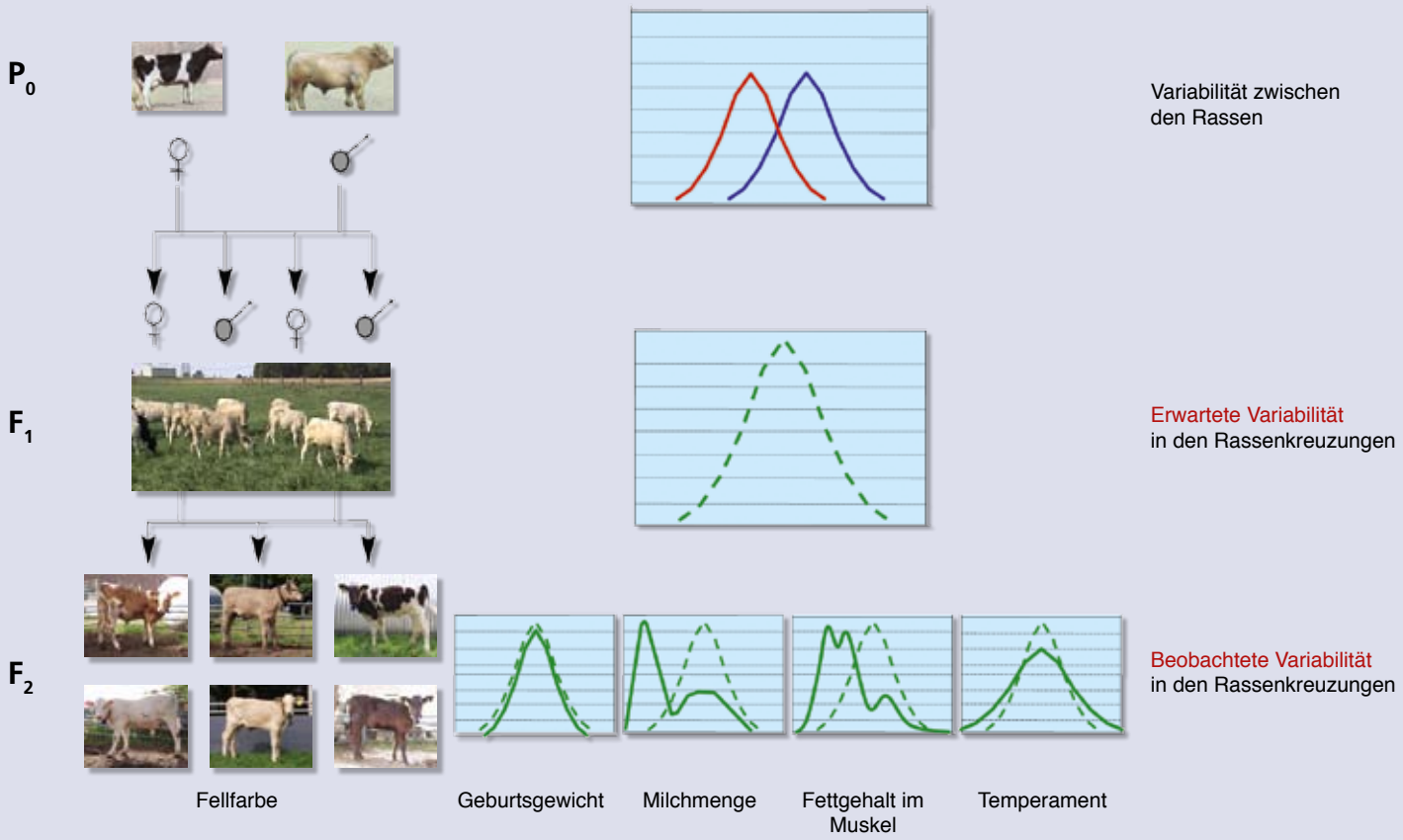
Funktionale Biodiversität beschreibt die Vielfalt physiologischer Anpassungsstrategien von Nutztieren, die sich im Verlauf der natürlichen und künstlichen Selektion herausgebildet haben. Verschiedene Tierarten lösen die gleiche Aufgabe auf ganz unterschiedliche Art und Weise. So unterscheidet sich der Verdauungsapparat von Kaninchen, Pferden und Wiederkäuern grundsätzlich, obwohl alle die gleiche pflanzliche Nahrung zu sich nehmen. Aber auch innerhalb einer Tierart findet man eine große Vielfalt von physiologischen Lösungsansätzen, die es unseren Nutztieren erlaubt, die geforderte Leistung unter den gegebenen Haltungsbedingungen zu erbringen. So sind zum Beispiel beim Huhn in den auf höchsten Muskelansatz selektierten Broilerlinien ganz andere Genvarianten dominierend als in den hochleistenden Legehennen. Das Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN) in Dummerstorf bei Rostock erforscht in erster Linie die innerartliche funktionale Biodiversität von Nutztieren in ihrer Umwelt als Grundlage der Domestikation und als wesentliche Komponente einer nachhaltigen Landwirtschaft und der menschlichen Ernährung.

… beim Rind

Das langfristig angelegte Projekt „SEGFAM" unter der Leitung von Dr. Christa Kühn befasst sich dabei mit der hohen Variabilität bei der Ausprägung wichtiger Merkmale wie Milchleistung und Fleischansatz beim Rind. Hierzu wurde eine Kreuzungsfamilie aus der Fleischrindrasse Charolais und der Milchrindrasse Deutsche Holstein erstellt, um den genetischen Ursachen dieser bemerkenswerten Unterschiede auf die Spur zu kommen (Abb. 2). Parallel zu der genetischen Charakterisierung werden die Kreuzungstiere der zweiten Generation (F2-Generation) zahlreichen biochemischen, physiologischen und verhaltensphysiologischen Untersuchungen unterzogen, um an diesem Nutztiermodell die Variabilität möglichst umfassend zu charakterisieren. Dabei zeigte sich, dass sich die Ausprägung vieler Merkmale in Tieren der zweiten Generation nicht wie erwartet mit einem einfachen Verteilungsmodell beschreiben lässt. Vielmehr

Abb. 2: F2-Tiere einer Charolai x Deutsche Holstein Kreuzungspopulation.

Abb. 3: Die tatsächliche Verteilung einzelner Merkmale bei F2-Nachkommen einer Charolai x Deutsche Holstein Kreuzungspopulation unterscheidet sich deutlich von der erwarteten Merkmalsverteilung.



kommt es – vermutlich durch Interaktionen zwischen den neu kombinierten Genorten – zu einem sehr komplexen und unerwarteten Verteilungsmuster der Einzelmerkmale (Abb. 3). Ein wichtiges Ziel dieses Projektes besteht deshalb darin, die zugrunde liegenden genetischen Mechanismen auf molekularer Ebene aufzuklären, um sie in der Zucht besser berücksichtigen und nutzen zu können.

Auch innerhalb einer Rasse findet man beträchtliche physiologische Unterschiede. So wird häufig beobachtet, dass Hochleistungskühe bei einsetzender Milchproduktion nicht genügend Futter aufnehmen, um diese zusätzlich zu erbringende körperliche Leistung zu kompensieren. Dadurch geraten sie in eine negative Energiebilanz. Diese Tiere mobilisieren dann Körperfett und magern stark ab. In einem Projekt von Dr. Björn Kuhla sollen deshalb körpereigene Signalwege des Fett- und Kohlenhydratstoffwechsels identifiziert sowie die Insulinempfindlichkeit in der Leber, im Muskel und im Fettgewebe untersucht werden. Wir erwarten dadurch Informationen zur Frage, warum magere Kühe ihre maximale Futteraufnahme bzw. ihre Sättigung schneller erreichen als fette Kühe. Es sollen Mechanismen aufgezeigt werden, die es manchen Kühen ermöglichen, sich erfolgreicher an die energetischen Erfordernisse der Frühlaktation anzupassen.

…beim Schwein

Ein anderes Projekt befasst sich mit der genetischen und epigenetischen Steuerung der Vererbung und Ausprägung komplexer Merkmale beim Schwein (Leitung: Prof. Dr. Klaus Wimmers). Hierzu werden ebenfalls F2-Tiere der beiden Kreuzungungsfamilien Duroc

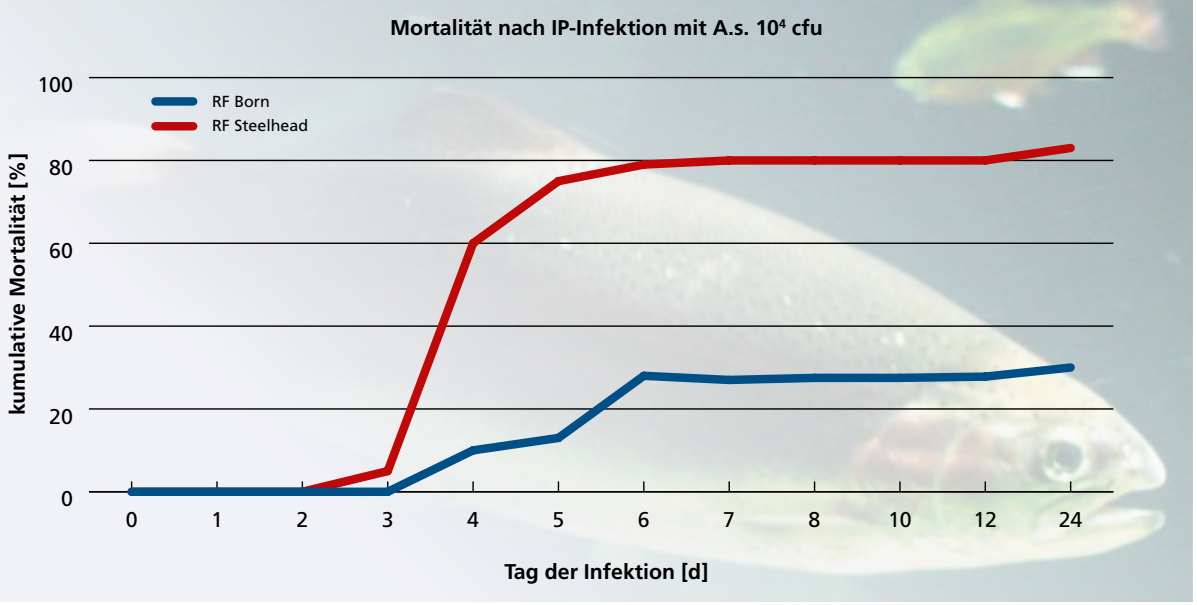
x Berliner Miniaturschwein (DUMI) und Duroc x Pietrain (DUPI) genutzt, um tierzüchterisch nutzbare genetische Marker für Fleischqualitätsmerkmale zu identifizieren.
Darüber hinaus wird untersucht, wie sich unterschiedliche Umweltbedingungen (z. B. Ernährung, Haltung) auf Fruchtbarkeit, Wachstum und Gesundheit bei verschiedener genetischer Disposition auswirken.

…bei der Forelle

Nicht nur weltweit, sondern auch in Europa und Deutschland wird immer mehr Fisch in Aquakultur produziert. Dabei führt die hohe Individuendichte in Aquakulturanlagen zu einem hohen Infektionsdruck. Durch Krankheitsausbrüche im Fischbestand nach viraler oder bakterieller Infektion während der künstlichen Aufzucht können die Bestände stark zurückgehen – bis hin zum Totalverlust. Die prophylaktische Behandlung der Fische durch den Einsatz antiviraler Mittel und Antibiotika soll Fischseuchen und damit einhergehende wirtschaftliche Schäden verhindern. Dies wiederum kann zu Belastungen der Umwelt und des Menschen durch rückstandsbelastete Nahrungsmittel führen. Eine Lösung dieses Problems liegt deshalb in der Zucht widerstandsfähiger Fische, die bei unverminderter Wachstumsleistung eine höhere Resistenz gegenüber dem Infektionsdruck unter Aquakulturbedingungen aufweisen.
Das Projekt „DIREFO – Different resistente Regenbogenforellen", das unter der Leitung von Dr. Tom Goldammer im Verbund mit Partnern am Friedrich-Loeffler-Institut (Riems) und dem Institut für Fischerei der Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern (Born) bearbeitet wird, analysiert die genetischen und immunologischen Grundlagen erhöhter Fitness bei unterschiedlichen Stämmen der Regenbogenforelle. Dazu wird der gegenüber äußeren Stressoren sehr widerstandsfähige Stamm „Born", der in einer über 30-jährigen Selektion herausgezüchtet wurde, mit dem weniger resistenten, aber ökonomisch sehr bedeutsamen Stamm „Steelhead" vergleichend untersucht. Bereits die ersten Analysen zeigen große Unterschiede zwischen den beiden Stämmen, wobei sich der Stamm „Born" durch eine deutlich höhere Überlebensrate bei Infektionen auszeichnet. Auch auf molekularer Ebene konnten inzwischen deutliche Unterschiede im Expressionsmuster immunregulatorischer Moleküle identifiziert werden (Abbildung 4). Fische mit den immunologischen Eigenschaften der „Born"-Forelle wären somit ideal für Aquakulturbedingungen geeignet. Das Ziel dieser Untersuchung besteht zunächst darin, die bislang noch nicht bekannten genetischen Unterschiede zwischen „Born" und „Steelhead" auf molekularer Ebene zu identifizieren. Vorteilhafte Genvarianten könnten dann in einem weiteren Schritt zur züchterischen Verbesserung der Krankheitsresistenz von Zuchtforellen genutzt werden.
Eine bessere Kenntnis der funktionalen Biodiversität von Nutztieren ist eine wichtige Voraussetzung für ihren Erhalt und ihre züchterische Nutzung. Nur dadurch wird es in Zukunft möglich sein, die weltweit zunehmende Nachfrage nach hochwertigen Lebensmittel tierischer Herkunft effizienter, ressourcenschonender und umweltgerechter sowie unter tiergerechten Haltungsbedingungen zu befriedigen. ■

Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN), PD Dr. Jens Vanselow, Forschungsbereich Molekularbiologie, Dr. Martina Langhammer, Forschungsbereich Genetik und Biometrie, Wilhelm-Stahl-Allee 2, 18196 Dummerstorf.
E-Mail: vanselow@fbn-dummerstorf.de, martina.langhammer@fbn-dummerstorf.de

Abb. 4: „Born"- und „Steelhead"-Forellen zeigen ganz unterschiedliche Überlebensraten nach Aeromonas salmonicida Infektion.



Mikrobiologisch-genetische Ressourcen bei Fleisch

Biodiversität und nachhaltige Nutzung bei der Herstellung von Fleisch-Erzeugnissen

Lothar Kröckel (Kulmbach)

Die mikrobiologische Vielfalt im Lebensmittel Fleisch hängt von der Produktbeschaffenheit ebenso ab wie von den Lagerungsbedingungen, der Verarbeitung und den residenten Mikroorganismen in den Herstellerbetrieben, der sogenannten „Hausflora". Hygienefehler können diese Systeme aus dem Gleichgewicht bringen und zu frühzeitigem Verderb oder im schlimmsten Fall zu erhöhten gesundheitlichen Risiken für den Verbraucher führen. Mikroorganismen von tatsächlichem oder potenziellem Wert für die natürliche Konservierung von Fleisch, etwa als Starter- und Schutzkulturen, bzw. bestimmte Teile ihres Erbguts sind unverzichtbare mikrobiologisch-genetische Ressourcen für innovative Entwicklungen vor dem Hintergrund sich wandelnder Konsumgewohnheiten und Konsumentenansprüche.

Die heute bei Fleisch-Erzeugnissen eingesetzten Mikroorganismen-Kulturen umfassen unterschiedliche Bakteriengruppen sowie Hefen der Gattung *Debaryomyces* und Schimmelpilze der Gattung *Penicillium* (Tab. 1). Die großen Fortschritte der Lebenswissenschaften und Biotechnologie in neuerer Zeit erlauben es, zunehmend auch die komplexen ökophysiologischen Zusammenhänge und die Bedeutung der mikrobiologischen Vielfalt zu verstehen. Sie bilden die Grundlage für die verstärkte Nutzung von mikrobiologisch-genetischen Ressourcen in Forschung und Industrie.

Am Max Rubner-Institut (MRI) am Standort Kulmbach erfassen wir seit etwa 30 Jahren fleischadaptierte Bakterien, die als potenzielle Starter- und Schutzkulturen für Fleisch-Erzeugnisse von Bedeutung sein können sowie als Referenzkulturen für Untersuchungen zur Mikroorganismenflora von Fleisch und Fleisch-Erzeugnissen dienen. Die rund 1000 Isolate wurden auch in der online-Datenbank MGRDEU (Genetische Ressourcen bei Mikroorganismen in Deutschland, www.genres.de/mgrdeu) dokumentiert. Die Sammlung des MRI-Instituts für Sicherheit und Qualität bei Fleisch in Kulmbach bildet eine gute Ausgangsbasis für Screening-Arbeiten zu sensorisch und gesundheitlich interessanten Aspekten fleischadaptierter Milchsäurebakterien und Staphylokokken.

Tab.1: Starter und Schutzkulturen für Rohwurst und Rohschinken

Lactobacillus *sakei* [1)] *curvatus* *plantarum* *pentosus* *paracasei* [2)]	*Staphylococcus* *carnosus* [3)] *xylosus* *equorum* *Kocuria* *varians*
Pediococcus *acidilactici* *pentosaceus*	*Streptomyces* *griseus*
Tetragenococcus *halophilus*	*Debaryomyces* *hansenii*
Leuconostoc *carnosum*	*Penicillium* *nalgiovense*

1) subspecies *carnosus;* 2) subspecies *paracasei;* 3) subspecies *carnosus*

Milchsäurebakterien als „goodies“ und „badies“

Milchsäurebakterien gehören zur natürlichen Mikroflora von Fleisch und Fleisch-Erzeugnissen. Einige Arten spielen eine herausragende Rolle bei der Biokonservierung von Rohwurst. Darüber hinaus können manche Stämme als Schutzkulturen auch bei vorverpackten, kühlgelagerten Aufschnittwaren, wie Brühwurst- und Kochschinkenerzeugnissen, die Vermehrung von *Listeria monocytogenes* und anderen unerwünschten Keimen verhindern. Bacteriocin-bildende Stämme – also Stämme, die Bakterien abtötende Eiweiße produzieren – sind hier von besonderem Interesse.

Milchsäurebakterien spielen aber auch eine wichtige Rolle beim Verderb von Fleisch-Erzeugnissen durch Übersäuerung, Gas-, Peroxid- und Dextranbildung. Solche Stämme kommen als Schutzkulturen nicht in Frage. Sie sollten aber durch die eingesetzte Schutzkultur wirksam unterdrückt werden. Die Identifizierung und Charakterisierung der auf Fleisch und Fleisch-Erzeugnissen vorkommenden Mikroorganismen liefert eine Grundlage für Aussagen zur Sicherheit und Qualität dieser Lebensmittel sowie für sinnvolle Innovationen in diesem Bereich.

Einen breiten Raum nimmt gegenwärtig die Diskussion gesundheitsfördernder Aspekte durch sogenannte probiotische Mikroorganismen ein. Ausgewählte Isolate mit Einsatzpotenzial bei Fleisch und Fleisch-Erzeugnissen sowie fleischassoziierte Referenzorganismen werden in diesem Zusammenhang gesammelt und für künftige Projekte zur Sicherheit und Qualität bei Fleisch vorgehalten. Von solchen Sammlungen profitiert zunächst vor allem die Wissenschaft, denn dadurch wird es möglich, bisher unbekannte Mikroorganismen zu identifizieren und neue Anwendungsmöglichkeiten zu suchen. Zum Beispiel konnten wir vor wenigen Jahren durch vergleichende Untersuchungen in vorverpackten, schnell gereiften deutschen Rohwürsten ein bis dato unbekanntes Milchsäurebakterium, *Lactobacillus versmoldensis*, identifizieren und in Kooperation mit Experten aus Karlsruhe und München als neue Art beschreiben. Seitdem wurde dieser Mikroorganismus weltweit auch in anderen Lebensmitteln gefunden. Bemerkenswert ist seine hohe Salztoleranz und die Vielfalt der Lebensmittel, aus denen er isoliert wird. In ähnlicher Weise haben wir am Institut für Sicherheit und Qualität bei Fleisch des MRI kürzlich eine weitere neue *Lactobacillus*-Spezies aus einer Geflügelrohwurst identifiziert, die man zuvor nur bei japanischem Sauergemüse kannte.

Mikroorganismen als Schutzkulturen

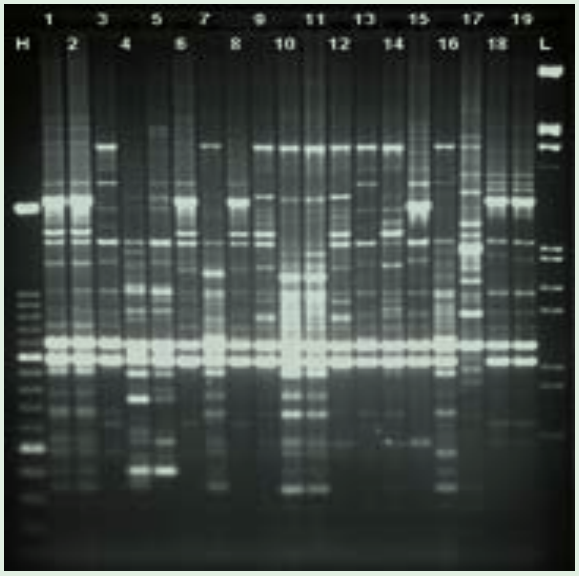
Die Erforschung der genetischen Diversität innerhalb der fleischadaptierten Milchsäurebakterien spielt weltweit eine immer größere Rolle für künftige Anwendungen (Abb. 1). Neue Einsatzmöglichkeiten ergeben sich unter anderem aus spezifischen Hemmwirkungen gegen potenziell pathogene Bakterien wie *Listeria monocytogenes*, die sich vor allem auf kühl gelagerter vorverpackter Aufschnittware, zum Beispiel Kochschinken, Brühwurst oder Geflügelbraten, gut vermehren können. Konkurrenzstarke, mildsäuernde Milchsäurebakterien, die anti-listerielle Bacteriocine bilden, können als Schutzkulturen eine Alternative zur chemisch-physikalischen Konservierung bieten und so bei gleicher mikrobiologischer Sicherheit sensorisch hochwertigere Erzeugnisse ermöglichen. Interessant sind hier vor allem Stämme der Arten *Lactobacillus sakei* und *Leuconostoc carnosum*. Auch bei rohem, unter Schutzatmosphäre verpacktem Fleisch können Schutzkulturen die Vermehrung unerwünschter Mikroorganismen unterbinden. Die Sammlung fleischassoziierter Milchsäurebakterien der Kulmbacher Fleischforschung war der Ausgangspunkt für mehrere grundlegende und angewandte Arbeiten zu den weithin bekannten Bacteriocinen Sakacin A und Sakacin P von *Lactobacillus sakei* subsp. carnosus.

Die Kulmbacher Sammlung enthält mehrere gut charakterisierte Stämme dieser Bacteriocinbildner, unter anderem auch den „Urahn“ von L. sakei LTH673, den Stamm Lb85. Auf der Grundlage früherer Arbeiten wurde gemeinsam mit Kollegen aus Norwegen bei den *Lactobacillus sakei*-Stämmen Lb674 und LTH673 neben dem Sakacin P ein weiteres Bacteriocin, Sakacin Q, beschrieben, das das antimikrobielle Spektrum dieser Stämme erweitert. Diese Arbeiten liefern die Grundlage für den intelligenten und innovativen Einsatz von Schutzkulturen bei Lebensmitteln. Vakuum verpackter Brühwurstaufschnitt mit anti-listeriellen Schutzkulturen wurde erstmals zur Internationalen Grünen Woche 2010 in Berlin einer breiteren Öffentlichkeit vorgestellt (Abb. 2).

Stammsammlungen als Reservoir

Aus der Zeit um 1976, als der Einsatz von Starterkulturen bei Fleisch-Erzeugnissen noch weniger verbreitet war als heute, gab es

Abb. 1: Molekulargenetische Vielfalt von *Lactobacillus sakei subsp. carnosus* Isolaten (1–16, 18, 19) aus verschiedenen erhitzten, vorverpackten Aufschnittwaren aus dem Handel



Genomischer Fingerabdruck mittels BOX-PCR: charakteristische Abschnitte des Genoms werden durch eine spezielle Polymerase-Kettenreaktion vervielfältigt und in einem Agarosegel elektrophoretisch aufgetrennt

Abb. 2: Verkostung von innovativen Fleisch-Erzeugnissen (Brühwurst mit anti-listeriellen Schutzkulturen, Salami mit probiotischen Laktobazillen, Rohschinken hergestellt mit Starter- und Schutzkulturen) am Stand des MRI-Instituts für Sicherheit und Qualität bei Fleisch auf der Internationalen Grünen Woche 2010.

in der Mikroorganismensammlung der Kulmbacher Fleischforschung mehrere nicht näher untersuchte Milchsäurebakterien, die damals vor allem aus Rohwurst isoliert wurden. Diese Isolate wurden im Zuge der Aktualisierung der online-Dokumentation (genres/mgrdeu) einer Überprüfung und Re-Identifizierung unterzogen. Theoretisch sollten diese Isolate eine größere biologische Vielfalt aufweisen als sie heute in industriell hergestellten Salamiwürsten zu erwarten ist. Insofern stellen sie eine wichtige mikrobiologisch-genetische Ressource für künftige experimentelle Arbeiten dar.

Bakterienstämme beeinflussen den Geschmack

In Zusammenhang mit dem zunehmenden Einsatz probiotischer Bakterien auch bei Fleisch-Erzeugnissen haben wir kommerziell verfügbare Stämme sowie Stämme aus entsprechenden Rohwürsten isoliert, phänotypisch und genotypisch charakterisiert und in die Sammlung aufgenommen. Diese Arbeiten sind von Bedeutung für die Beurteilung von Lebensmitteln, die als probiotisch beworben werden, und grundlegend für die Rückverfolgbarkeit wirtschaftlich interessanter Stämme.

Für Rohwurst kommen am ehesten Stämme aus der *Lactobacillus plantarum*- sowie der *Lactobacillus casei*-Gruppe in Frage. Mit Blick auf eine nachhaltig hohe Keimzahl der probiotischen Mikroorganismen im fertigen Produkt schneidet *Lactobacillus paracasei* subsp. *casei* sogar besser ab als der seit Jahrzehnten als Rohwurststarter eingesetze *Lactobacillus plantarum*. In herkömmlicher Salami wird *L. paracasei* weniger schnell von den fleischeigenen Milchsäurebakterien *L. sakei* und *L. curvatus* verdrängt als *L. plantarum*. Vier Wochen nach Herstellungsbeginn liegt die Keimzahl des probiotischen *L. paracasei* Stammes im Regelfall immer noch 10fach über der für eine probiotische Wirkung geforderten Mindestmenge, während *L. plantarum* die kritische Marke (1 Mio. Kolonie-bildende Einheiten pro Gramm) oft unterschreitet. Wie ein Beliebtheitstest anläßlich der Internationalen Grünen Woche 2010 zeigte, wird die mit *L. plantarum* hergestellte Wurst eher vom männlichen („kräftiger im Geschmack") und die *L. paracasei* Variante eher vom weiblichen („milder") Konsumenten bevorzugt.

Rohschinken rückt ins Blickfeld

Vor dem Hintergrund gestiegener Ansprüche an die Sicherheit und Qualität von Fleisch-Erzeugnissen werden heute auch Rohschinken zunehmend mit kommerziell verfügbaren Starter- und Schutzkulturen hergestellt. Man will damit den in seiner Qualität von Charge zu Charge schwankenden Rohstoff Fleisch besser standardisieren und mikrobiell bedingte Risiken und Qualitätsabweichungen durch Lebensmittelvergifter und Fäulniserreger minimieren. Milchsäurebakterien sollen die Verarbeitungseignung des Rohstoffs (Salzaufnahme) standardisieren und bei Aufschnittware aus wenig abgetrockneten Rohschinken die mikrobiologische und sensorische Qualität während der Lagerung sichern. Staphylokokken wie *S. carnosus* und *S. equorum* sollen unter anderem die Vermehrung pathogener Staphylokokken (*S. aureus*) unterbinden.

Welche Bedeutung dabei den zugesetzten Bakterien wirklich zukommt, ist noch weitgehend unbekannt. In einem laufenden Projekt untersuchen wir, wie sich die Zugabe von Starter- und Schutzkulturen bei der Herstellung auf die mikrobiologische Qualität von Rohschinken auswirkt. ■

Dr. Lothar Kröckel,
Max Rubner-Institut, Institut für Sicherheit und Qualität bei Fleisch,
E.-C.-Baumann-Str. 20, 95326 Kulmbach.
E-Mail: lothar.kroeckel@mri.bund.de

Kleinste Helfer bei der KÄSEherstellung

Abb. 1: Beispiele für Rotschmiere-Käse: Limburger, St. Albray, Harzer, Münsterkäse, Tilsiter

Untersuchungen zur Vielfalt der Rotschmiere-Flora

Wilhelm Bockelmann, Jochen Dietrich und Knut J. Heller (Kiel)

Käse, Joghurt, Kefir: Grundstoff für alle diese Lebensmittel ist die Milch. Bei der Herstellung der verschiedenen Milchprodukte spielen Mikroorganismen eine entscheidende Rolle. Doch trotz der Vielfalt der Produkte – man denke nur an die vielen verschiedenen Käsespezialitäten – ist die Vielfalt der mikrobiellen Helfer begrenzt. Meist werden definierte Säuerungskulturen eingesetzt, denn sie bieten zwei Vorteile: Hohe Sicherheit für den Verbraucher und konstante sensorische Eigenschaften des Lebensmittels. Einen Sonderfall stellen Rotschmierekäse dar. Neben der Reifung durch Milchsäurebakterien in Käseinnern erfolgt auch eine Reifung an der Käseoberfläche, verursacht durch verschiedene Hefen und Bakterien. Diese stammen normalerweise nicht aus zugesetzten Kulturen, sondern aus der natürlichen „Hausmikroflora" der Käsereien und sind entsprechend komplex zusammengesetzt.

Quellen für die „Hausmikroflora" sind die Raumluft, schwer zu reinigende Maschinenteile, Holzbretter für die Reifung, vor allem aber die Salzbäder der Käsereien, die eine käseähnliche Mikroflora aufweisen. Auch wenn der Begriff Rotschmiere nicht gerade Appetit anregend klingt, gehören zu den Rotschmierekäsen viele beliebte Sorten (Abb. 1), angefangen bei Weichkäsen wie Limburger, Münsterkäse und Chaumes, über Schnittkäse wie Tilsiter bis zu den lang gereiften Hartkäsen wie Parmigiano Reggiano oder Grana Padano.

Die mikrobielle Zusammensetzung der Rotschmiere bei verschiedenen Käsesorten ist unterschiedlich, ändert sich im Reifungsverlauf, von Charge zu Charge und ist jahreszeitabhängig. Trotzdem gibt es Gemeinsamkeiten für alle Rotschmierekäse: Zu Reifungsbeginn treten vermehrt salz- und säuretolerante Hefen (*Debaryomyces hansenii*, *Geotrichum candidum*) und Staphylokokken (*Staphylococcus equorum*, Abb. 2) auf, gefolgt von coryneformen Bakterien (z. B. *Brevibacterium linens*, *Corynebacterium casei*, *Microbacterium gubbeenense* und *Arthrobacter arilaitensis*). Neben diesen häufig dominie-

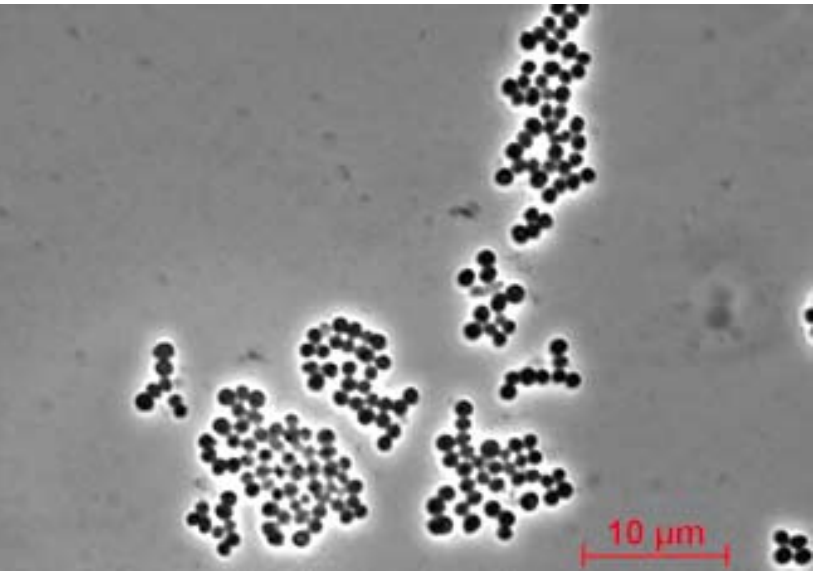


Abb. 2: Typisches Bild von Staphylokokken (hier S. equorum) im Phasenkontrast-Mikroskop

renden Spezies sind auch viele andere Spezies von Käseoberflächen beschrieben worden.

Natur oder Kultur?

Traditionell verzichtet man bei Rotschmierekäse auf einen Kultureneinsatz für die Oberfläche, weil die Befürchtung besteht, dass die Einzigartigkeit der Käse unter einer verringerten Biodiversität leidet. Nach verschiedenen wissenschaftlichen Publikationen sollen natürliche, undefinierte Oberflächenfloren auch einen guten Schutz vor Verschimmeln oder Kontamination mit dem pathogenen Bakterium *Listeria monocytogenes* geben. So werden Rotschmierekäse entweder mit verdünntem Salzbad oder traditionell alt-jung geschmiert, das heißt in den zur Oberflächenbehandlung verwendeten Bürstenautomaten werden zunächst gereifte Käse behandelt und danach junge Käse, die noch keine Rotschmiere aufweisen. Die Problematik dieses Ansatzes liegt auf der Hand: Nicht nur die Rotschmiere, sondern auch etwaig vorhandene unerwünschte Mikroorganismen werden auf diese Weise im Betrieb etabliert (Kontaminationskreislauf). Deshalb sind Störungen der Hausmikroflora, zum Beispiel durch erforderliche Reinigungs- oder Desinfektionsmaßnahmen, bei Käsereien gefürchtet. Ohne ein ausgefeiltes Kulturenkonzept hängt die Rotschmiereentwicklung sehr stark von äußeren Umwelteinflüssen ab. Bis vor wenigen Jahren waren nur die Hefe *D. hansenii* und das Bakterium *B. linens* als kommerzielle Oberflächenkulturen verfügbar. Inzwischen sind zwar auch die anderen oben genannten Spezies kommerziell erhältlich, werden bislang aber kaum eingesetzt.

Im Max Rubner-Institut (MRI) am Standort Kiel untersuchten wir gemeinsam mit Industriepartnern in einem von der EU geförderten Demonstrationsprojekt (CT02-0486, 2003-2005) den Nutzen und die Risiken des Einsatzes von Oberflächenkulturen. Für drei Schnittkäsesorten konnten wir zeigen, dass die eingesetzten Kulturen (unter Verzicht auf alt-jung-Schmieren) nach zwei bis fünfzehn Wochen Reifung auf der Käseoberfläche nachweisbar waren. Je nach Versuchsansatz waren auch unterschiedliche Anteile der Hausmikroflora auf der Käseoberfläche nachweisbar. Die Versuche gaben keine Hinweise darauf, dass sich die unterschiedlichen Oberflächenfloren auf das typische Aroma oder das Aussehen auswirken: Das Ausgangsmaterial, der so genannte Grünkäse, hatte einen viel größeren Einfluss auf die endgültigen Eigenschaften. Aus den Projektergebnissen konnte erfreulicherweise gefolgert werden, dass bei der Entscheidung für einen Kultureneinsatz Sicherheitsaspekte im Vordergrund stehen können, weil nicht jede Käsesorte seine eigene, speziell zusammengesetzte Kultur erfordert. Der Kultureneinsatz soll sicherstellen, dass alle für die Reifung wesentlichen Komponenten, die für ein schnelles Anwachsen auf dem Käse nötig sind, zu Beginn der Reifung vorhanden sind – auch wenn die Hausmikroflora in ihrer Zusammensetzung gestört ist. Vor allem aber lässt sich durch den Einsatz von Oberflächenkulturen das problematische alt-jung-Schmieren unterbrechen.

Staphylokokken der Hausmikroflora

Für den vorliegenden Artikel zur Vielfalt der Rotschmiere wurde die Gruppe der Staphylokokken ausgewählt, zu der einige neuere Untersuchungen zur Biodiversität vorliegen.

Am Max Rubner-Institut haben wir 48 Salzbäder von norddeutschen Käsereien untersucht (konventionelle und Bio-Betriebe, Produktion von Käse aus pasteurisierter Milch und aus Rohmilch). Dabei stellten wir fest, dass bei mehr als 2000 analysierten kokkoiden Isolaten die Spezies *Staphylococcus equorum* absolut dominierte, was ihre universelle Bedeutung für den Käsebereich unterstreicht. Dies entspricht auch zahlreichen Flora-Analysen von Rotschmierekäsen aus Deutschland, Dänemark, den Niederlanden, der Schweiz und Frankreich, die über Jahre vom MRI Kiel durchgeführt wurden.

Staphylokokken sind durch ihre Säuretoleranz „frühe" Reifungsorganismen, die auf dem Käse innerhalb weniger Tage zu hohen Keimzahlen heranwachsen. Es ist bekannt, dass *S. equorum* bei der Käsereifung das Wachstum von Schimmelpilzen hemmt (Abb. 3). Ein Tilsiter Versuchskäse aus einem sterilen Salzbad verpilzte erwartungsgemäß im Reifungsraum (13 °C, >95 % relative Feuchte) innerhalb weniger Tage. Ein Salzbad mit hohen Konzentrationen an *S. equorum* und der Hefe *Debaryomyces hansenii* bot bei einer parallel angesetzten Charge im gleichen Zeitraum einen guten Schutz vor Verschimmeln, vermutlich durch frühzeitiges und schnelles Wachstum, vielleicht auch durch Ausscheidung pilzhemmender Substanzen. Andere Effekte von *S. equorum* auf die Käsereifung, zum Beispiel bei der Aromatisierung, konnten bislang nicht gefunden werden. *S. equorum* ist seit kurzem auch als Kultur verfügbar.

Französische Rohmilch-Weichkäse

Aus Rohmilch hergestellte französische Weichkäse gelten als besonders natürlich und ursprünglich. Für französische Käse wurde in der wissenschaftlichen Literatur häufig *Staphylococcus xylosus* als typischer Bestandteil der Rotschmiereflora beschrieben. Kulturen dieser

Spezies wurden für die Wurstreifung entwickelt und sind seit langem kommerziell erhältlich. Am MRI untersuchten wir drei französische Weichkäse verschiedener Hersteller auf ihre Staphylokokken-Flora, um festzustellen, ob es wirklich Unterschiede zu den eigenen Ergebnisse gab (siehe oben, Tab. 1). Jeweils 100 kokkoide Isolate wurden bis zur Spezies klassifiziert. Bei Käse 1 dominierte tatsächlich *S. xylosus* (bei einem 15-prozentigen Anteil an *S. equorum*); bei Käse 2 und 3 dominierte S. equorum. Die Art *S. xylosus* wurde ebenfalls nachgewiesen, dazu kam ein Anteil von *Staphylococcus sciuri*, eine ebenfalls lebensmitteltaugliche Spezies. Die Analyse dieser 300 zufällig ausgewählten Isolate zeigte also auf Speziesebene eine geringe Diversität mit 1–2 dominierenden Spezies.

Um genauere Informationen über die Vielfalt innerhalb dieser Bakterienarten zu erhalten, differenzierten wir die Isolate auf Stammebene (Abb. 4a–c). Das Verfahren der Wahl ist die sogenannte Pulsfeld-Gelelektrophorese (PFGE), bei der die gesamte DNA eines Stammes mit Restriktionsenzymen verdaut wird und die DNA-Fragmente im elektrischen Feld nach ihren Molekulargewichten aufgetrennt werden. Bei einer Ähnlichkeit von über 95 % geht man von Stammgleichheit aus. Bei den *S. equorum*-Isolaten zeigte Käse 3 die größte Vielfalt (Abb. 4a): Von den elf ausgewählten Isolaten waren nur zwei identisch (Mo9 + Mo35). Bei Käse 2 ließen sich die elf ausgewählten *S. equorum*-Isolate lediglich zwei Stämmen zuordnen (Abb. 4b). Die Diversität der *S. equorum*-Isolate von Käse 1 lag zwischen den Werten für Käse 2 und 3; die Flora ließ sich in zwei Gruppen mit > 95 % Ähnlichkeit (9 + 3 Stämme) einteilen sowie in drei weitere unterschiedliche Stämme (nicht gezeigt). Die Bandenmuster aller *S. equorum*-Isolate entsprachen nicht der seit kurzem kommerziell verfügbaren *S. equorum*-Kultur, die gefundenen Stämme scheinen also der natürlich vorhandenen Hausflora zu entstammen.

Im Gegensatz zu *S. equorum* konnten die *S. xylosus*-Isolate von Käse 3 der vermutlich eingesetzten *S. xylosus*-Kultur zugeordnet werden (Abb. 4c), da das Muster der DNA-Fragmente typisch für zwei kommerziell erhältliche Kulturstämme war (Kultur 3 + 4). Die beiden Kulturstämme 3 + 4 werden unter verschiedenen Bezeichnungen von zwei Kulturenhersteller angeboten, wobei es sich allerdings um den gleichen Stamm zu handeln scheint. Bei Käse 1 wurden nur zwei *S. xylosus*-Stämme gefunden, bei Käse 2 unterschieden sich alle sieben analysierten *S. xylosus*-Isolate; die Isolate beider Käse konnten in der PFGE keinem kommerziellen Kulturstamm zugeordnet werden, gehörten also vermutlich zur natürlichen Hausflora.

Tab. 1: Zugehörigkeit von Staphylococcus-Isolaten von drei französischen Weichkäsen zu den Arten xylosus, equorum und sciuri.

	Anzahl Isolate	*S. xylosus*	*S. equorum*	*S. sciuri*
Käse 1	100	85	15	0
Käse 2	100	10	88	2
Käse 3	100	20	61	19

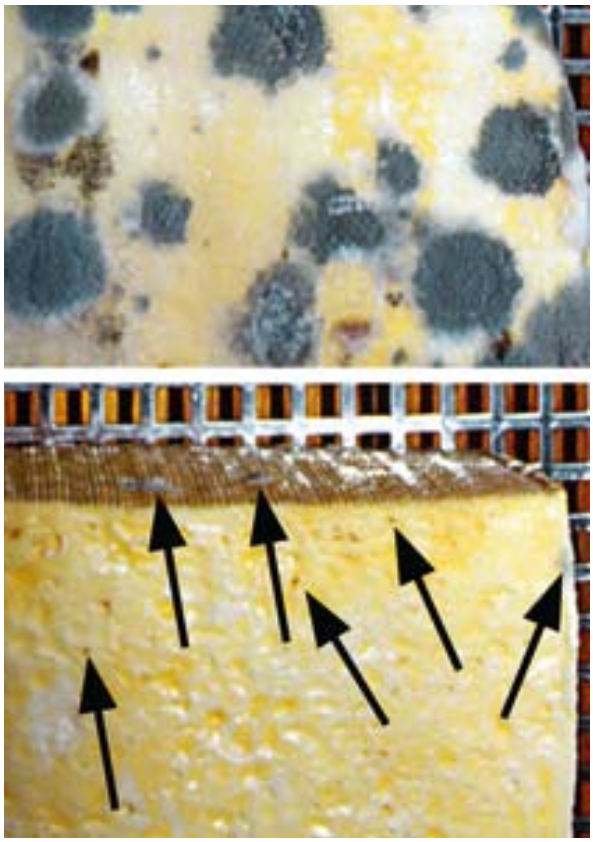


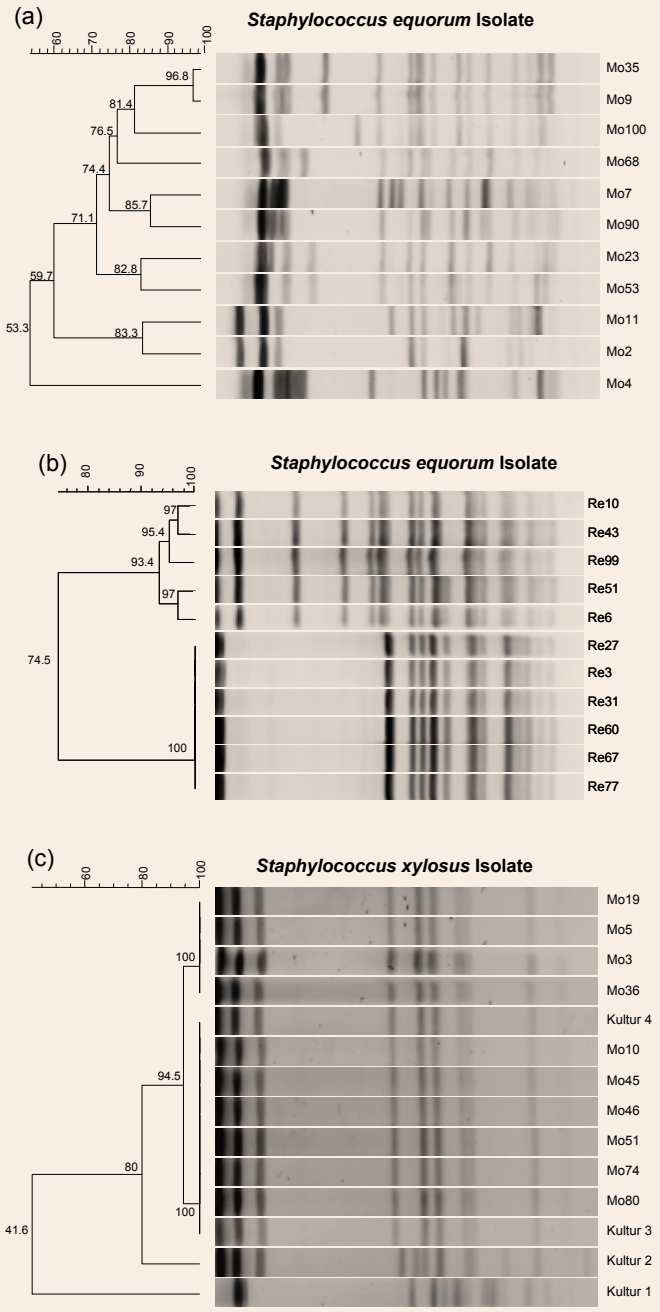
Abb. 3: Tilsiter Versuchskäse verpilzte in einem sterilen Salzbad im Käsereifungsraum innerhalb weniger Tage (oben), während hohe Konzentrationen von S. equorum und D. hansenii im Salzbad den Käse weitgehend vor Verpilzungen schützten (unten). Die Zahl der gewachsenen Schimmel (s. Pfeile) und der Durchmesser der Schimmelspots war deutlich reduziert. Eine Rotschmiere bildete sich nicht, da die Käseoberfläche nicht weiter behandelt wurde.

Vielfalt der Staphylokokken auf Rotschmierekäse

Die **Speziesvielfalt** scheint auch bei sehr naturbelassenen Käsen, die aus Rohmilch hergestellt werden, auf wenige Arten beschränkt zu sein – am häufigsten wurden *S. equorum* und *S. xylosus* nachgewiesen. Für beide Spezies konnten Stämme identifiziert werden, die keiner bekannten kommerziellen Kultur entsprachen: Beide Spezies scheinen also für Rotschmierekäse typisch zu sein. Es ergab sich nicht die erwartete Dominanz von natürlich vorkommenden *S. equorum*-Stämmen, was langjährige Untersuchungen des MRI an Käsen aus meist pasteurisierter Milch nahe gelegt hätten.

Die **Stammvielfalt** war bei beiden Spezies auf den untersuchten Käsen unterschiedlich. Mittels PFGE konnte bei Käse 3 eine Vielzahl von S. equorum-Stämmen, bei Käse 1 eine Vielzahl von *S. xylosus*-Stämmen nachgewiesen werden. In einem anderen Fall (Käse 2) dominierten zwei *S. equorum*-Stämme, bei einem Käse entsprachen die analysierten *S. xylosus*-Isolate bekannten Kulturstämmen. Auch im letzteren Fall verdrängte der Einsatz der Kultur die natürlich vorhandene *S. equorum*-Population nicht vollständig.

Abb. 4: Differenzierung isolierter Staphylokokken auf Stammebene mittels Pulsfeld-Gelektrophorese. Chromosomale DNA wurde mit dem Restriktionsenzym SmaI geschnitten. Die Ähnlichkeiten der entstandenen DNA-Muster sind in einem Dendrogramm dargestellt. Die Zahlenwerte geben die Ähnlichkeit zwischen Stämmen in Prozent an. 5a+c: Isolate von Käse 3, 5b: Isolate von Käse 2. Kultur 1-4 entsprechen Restriktionsmustern kommerzieller *S. xylosus* Kulturen.



Konsequenzen für den Einsatz

Staphylokokken sind typische Vertreter der Rotschmiereflora mit großer Bedeutung in den ersten Reifungstagen für die störungsfreie Entwicklung (Pilzhemmung) der nachfolgend wachsenden coryneformen Bakterien. Die unterschiedliche Zusammensetzung der Flora auf Speziesebene und unterschiedliche Vielfalt auf Stammebene schienen keine Konsequenzen für das Aroma der untersuchten Käse zu haben: Es handelte sich bei allen untersuchten Käsen um sehr aromatische Rohmilchkäse. Die vermutete Verwendung einer *S. xylosus*-Kultur bei Käse 3 führte ebenfalls weder zu einer Verdrängung der natürlichen Flora noch zu einem flachen Aroma.

Der Wert eingesetzter, definierter Kulturen liegt in einer größeren Unabhängigkeit von negativen Umwelteinflüssen, zum Beispiel bei Desinfektionsmaßnahmen in der Käserei oder bei jahreszeitlich bedingter erhöhter Schimmelbelastung in der Raumluft. Definierte Kulturen tragen damit zu höherer Lebensmittelsicherheit bei. Im Zusammenhang mit anderen Mikroorganismen (Hefen, coryneforme Bakterien) ermöglichen zugesetzte Kulturen die Unterbrechung, wenn nicht den Verzicht auf Kontaminationskreisläufe, wie sie das alt-jung-Schmieren darstellt.

Bisher sind nur wenige Funktionen der Staphylokokken für die Reifung von Rotschmierekäsen bekannt. Die Erhaltung der Vielfalt dieser Bakterienstämme ist eine wichtige Voraussetzung, um nach Identifizierung technologisch wichtiger Eigenschaften geeignete Kulturen isolieren und einsetzen zu können. So wurden zum Beispiel in einem FEI-Forschungsprojekt (FV14786, 2006-2008) aus norddeutschen Salzbädern *S. equorum*-Stämme isoliert, die spezifisch *Listeria monocytogenes* hemmen und somit eventuell als natürliche Schutzkultur eingesetzt werden können. Durch die weltweite, universelle Verbreitung von Bakterien, ihre schnelle Vermehrung und durch die natürliche Anreicherung bestimmter Bakteriengruppen in speziellen Lebensräumen (wie z. B. in Salzbädern von Käsereien) ist – anders als bei Pflanzen und Tieren – nicht von einer Einschränkung der Biodiversität durch Anwendung bestimmter Lebensmittel-Herstellungstechniken auszugehen. In den einzelnen Betrieben dürfte allerdings eine Änderung der Technologie, wie der Verzicht auf Salzbäder durch Trockensalzen, einen viel größeren Einfluss auf die Biodiversität haben als der Einsatz von Kulturen zum Schmieren der Käse. So fehlt beim Trockensalzen ein natürliches Reservoir für Reifungsmikroorganismen, und zwar sowohl für Staphylokokken und Hefen als auch für coryneforme Bakterien.

Aus Gründen der Lebensmittelsicherheit wird sich künftig ein vermehrter Kultureneinsatz nicht vermeiden lassen. Eine absolute Verdrängung der natürlichen Vielfalt ist durch diesen Kultureneinsatz weder beabsichtigt noch sinnvoll, da die Vielfalt Garant für die Bereitstellung zukünftiger Stämme mit neuen technologischen Eigenschaften ist. ■

Dr. Wilhelm Bockelmann, Dr. Jochen Dietrich und Prof. Dr. Knut J. Heller, Max Rubner-Institut, Institut für Mikrobiologie und Biotechnologie, Postfach 60 69, 24121 Kiel. E-Mail: wilhelm.bockelmann@mri.bund.de

Gesundes Gemüse

Was steckt dahinter?

Silke Ruppel, Angelika Krumbein und Monika Schreiner (Großbeeren)

Gemüse ist gesund – dieser Grundsatz ist in der modernen Ernährungswissenschaft allgemein anerkannt. Mehr als 200 Langzeitstudien erbrachten ein eindeutiges Ergebnis: Personen, die viel Gemüse und Obst essen, erkranken seltener an Krebs und Herz-Kreislauf-Erkrankungen. Eine besondere Schutzwirkung zeigten alle Kohlgemüse, dunkelgrünes Blattgemüse sowie rotes und gelbes Gemüse und Obst. Die Schutzwirkung beruht offensichtlich auf einem Zusammenspiel vieler verschiedener Pflanzeninhaltsstoffe. Zunehmendes Interesse erwecken in jüngster Zeit auch die Millionen von Bakterien, die auf der Pflanze beziehungsweise im pflanzlichen Gewebe leben und bei frischem Verzehr von Gemüse in den Verdauungstrakt des Menschen gelangen. Diese an der Pflanze lebende Bakteriengemeinschaft ist äußerst vielfältig und setzt sich aus verschiedensten Bakterienarten und -gattungen zusammen.

Wenn Pflanzen- und Ernährungsforscher über die Besiedlung von Pflanzen durch Bakterien und den Verzehr dieser Pflanzen im ungekochten Zustand sprechen, ist meist von krankheitserregenden Bakterien die Rede. Der gesundheitsfördernde Aspekt, den eine vielfältige Bakterienpopulation sowohl für die Gesundheit der Pflanze als auch für die Gesundheit des Menschen haben kann, wird eher selten betrachtet. Das mag daran liegen, dass in der mikrobiellen Ökologie – einer noch jungen Wissenschaft – erst jetzt damit begonnen wird, die komplexen Zusammenhänge zwischen genetischer und funktioneller Diversität auf der einen Seite und Gesundheitsauswirkungen auf der anderen Seite zu erforschen.

In wieweit die pflanzliche Bakterienpopulation einen gesundheitsfördernden Effekt beim Menschen bewirken kann, ist noch völlig ungeklärt. Jedoch könnten – wenn Zusammenhänge zwischen pflanzlicher mikrobieller Diversität und humaner Gesundheitswirkungen bekannt sind – eine ganz neue Generation von Probiotika (funktionelle Lebensmittel mit gesundheitsförderndem Zusatznutzen) entwickelt werden. Voraussetzung dafür ist jedoch zu wissen, wie die pflanzliche Bakterienpopulation durch pflanzliche Inhaltsstoffe, die als natürliches Substrat den Nährboden für die Bakterien bilden, in ihrer Vielfalt und ihrem Wachstum beeinflusst wird.

Mikrobielle Ökologie eröffnet neue Möglichkeiten

Die mikrobielle Ökologie hat sich mit der Anwendung molekularbiologischer Methoden sprunghaft entwickelt. Bis zu dem Zeitpunkt, an dem über verschiedenste molekulare Techniken die gesamte vorkommende Zellzahl der Bakterien bestimmt und untersucht werden konnte, waren über herkömmliche kultivierungsabhängige Verfahren nur rund 0,1–1 % aller vorkommenden Bakterien erfassbar, was Aussagen über die Bedeutung der Mikroorganismen in ihrer Umwelt äußerst schwierig machte. Diese neuen methodischen Entwicklungen ermöglichen es jetzt, Interaktionen zwischen Mikroorganismen-Gemeinschaften und Pflanzen umfassend zu erforschen und der Bedeutung von mikrobieller Diversität für das Wachstum und die Gesundheit der Pflanzen auf die Spur zu kommen.

Im Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ) in Großbeeren wurde dafür das Zusammenspiel zwischen sekundären Pflanzenstoffen sowie dem Gehalt an verfügbaren Zuckern verschiedener Gemüsearten und dem Bakterienbesatz der oberirdischen Pflanzenteile, das heißt der Phyllosphäre, analysiert. Im Mittelpunkt der Forschungen stand die Frage, ob ein Zusammenhang zwischen den sekundären

Abb. 1: Ergebnisse der Diskriminanzanalyse bakterieller Substratverwertungsmuster in der Phyllosphäre der Gemüsearten: Senfspinat (*B. campestris*), Blattsenf (*B. juncea*), Spinat (*S. oleracea*) und Frisée-Endivie (*C. endivia*).

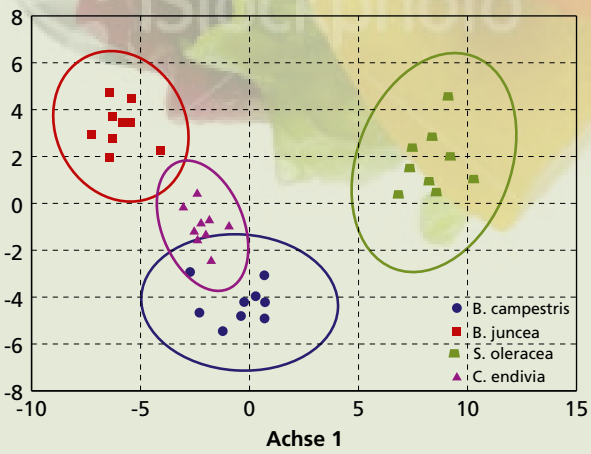
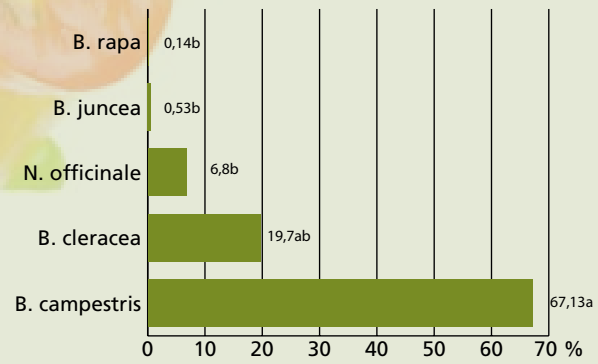


Abb. 2: Besiedlungsfähigkeit von *E. radicincitans* Bakterienzellen in der Phyllosphäre von fünf verschiedenen Gemüsearten.



% Besiedlung sind relativ zur nicht mit Bakterien behandelten Kontrolle und normalisiert zum Referenzgen dargestellt.
Die Mittelwerte bestehen aus drei Einzelproben. Die Mittelwerte innerhalb eines Einzelglucosinolats mit unterschiedlichen Buchstaben unterscheiden sich signifikant nach dem Tukey-Test ($P \leq 0.05$).

Pflanzenstoffen der Blätter in verschiedenen Gemüsearten und der bakteriellen Diversität in der Phyllosphäre dieser Pflanzen besteht.

Bakterienbesiedlung der Phyllosphäre

Da nur ein sehr geringer Teil der existierenden Bakterien auf künstlichen Nährböden wachsen, bedient man sich molekularbiologischer Methoden, um möglichst alle Bakterien zu erfassen. Dafür werden Blätter der Testpflanzen geerntet, gefriergetrocknet und aus diesem Material wird die gesamte vorkommende DNA extrahiert, die neben der pflanzlichen DNA auch die Erbinformation der Bakterien enthält. Mit Hilfe bakterienspezifischer Primer (16S rDNA) und der quantitativen real-time PCR (Polymerase-Kettenreaktion) lässt sich die Anzahl der auf und in der Pflanze vorkommenden Bakterien analysieren. Unsere Untersuchungen ergaben, dass Spinat mit 160 Milliarden Kopien der bakterienspezifischen DNA-Abschnitte je Nanogramm (= milliardstel Gramm) DNA am dichtesten mit Bakterien besiedelt war, während zum Beispiel Blattsenf nur ein Zehntel dieser Bakterienmenge enthielt.

Doch nicht nur die Anzahl, auch die Zusammensetzung der Bakterienpopulationen ist zwischen den einzelnen Gemüsearten sehr verschieden. Die Abbildung 1 zeigt die Differenzierung der bakteriellen Populationen zwischen den vier untersuchten Gemüsearten Senfspinat (*Brassica campestris*), Blattsenf (*Brassica juncea*), Spinat (*Spinacea oleracea*) und Frisée-Endivie (*Cichorium endivia*).

Warum besiedeln Bakterien die Blätter verschiedener Gemüsearten in unterschiedlicher Anzahl und auch durch stark verschiedene Bakteriengattungen und -arten? Die Ursachen dafür sind vielschichtig und bisher nicht endgültig zu beantworten. Unsere Studien zeigten, dass es neben Faktoren wie der Blattmorphologie und den verfügbaren Zuckern vor allem die sekundären Inhaltsstoffe der Pflanzen sind, die über die Zusammensetzung und Menge der Bakterienbesiedlung entscheiden. So konnten wir nachweisen, dass Gemüsearten mit einem ho-

Tab. 1: Konzentrationen der hauptsächlich vorkommenden Glucosinoalte (mg pro Gramm Trockenmasse) in fünf Brassica-Gemüsearten

	Aliphatische Glucosinolate			Aromatische Glucosinolate	Indol-Glucosinolate
Pflanzenart	**2P**	**3B**	**4MSB**	**2PE**	**3IM**
Chin. Brokkoli (*Brassica rapa* var. *alboglabra*)	0,15c	0,72b	0,37a	0,02c	0,04c
Blattsenf (*Brassica juncea*)	3,93a	0,16b	nd	0,12b	0,03c
Wasserkresse (*Nasturtium officinale*)	nd	nd	nd	6,63a	0,15a
Weißkohl (*Brassica oleracea* var. *capitata*)	1,07b	0,10b	0,07b	0,03c	0,12ab
Senfspinat (*Brassica campestris*)	0,03c	4,76a	nd	0,70b	0,07bc

nd – nicht detektierbar.
2P = 2-Propenyl, 3B = 3-Butenyl, 4MSB = 4-Methylsulfinylbutyl, 2PE = 2-Phenylethyl, I3M = 3-Indolylmethyl.
Die Tabellenwerte repräsentieren Mittelwerte aus neun Einzelproben. Die Mittelwerte innerhalb eines Einzelglucosinolats mit unterschiedlichen Buchstaben unterscheiden sich signifikant nach dem Tukey-Test ($P \leq 0.05$).

Tab. 2: Konzentrationen an verfügbaren Zuckern (mg pro Gramm Trockenmasse) in fünf *Brassica*-Gemüsearten

Pflanzenart	Glucose	Fructose	Saccharose
Chin. Brokkoli	61,00ab	39,15a	19,94a
Blattsenf	37,82b	27,52ab	11,88bc
Wasserkresse	21,13c	16,14b	7,30cd
Weißkohl	43,86ab	30,37ab	5,90d
Senfspinat	70,64a	18,11b	13,77b

Die Tabellenwerte repräsentieren Mittelwerte aus neun Einzelproben. Die Mittelwerte innerhalb eines Einzelzuckers mit unterschiedlichen Buchstaben unterscheiden sich signifikant nach dem Tukey-Test ($P \leq 0.05$).

Tab. 3: Konzentrationen der hauptsächlich vorkommenden Flavonoide und Carotinoide (mg pro Gramm Trockenmasse) in fünf *Brassica*-Gemüsearten

	Flavonoide			Carotinoide	
Pflanzenart	Quercetin	Kämpferol	Isorhamnetin	Lutein	ß-Carotene
Chin. Brokkoli	0,43b	1,94aa	nd	0,79b	0,44b
Blattsenf	0,32b	1,23b	0,63b	0,61c	0,41b
Wasserkresse	0,90a	0,19c	nd	0,92a	0,39b
Weißkohl	0,54b	2,02a	nd	0,59c	0,29c
Senfspinat	0,30b	1,06b	1,44a	0,82ab	0,56a

nd – nicht detektierbar.
Die Tabellenwerte repräsentieren Mittelwerte aus neun Einzelproben. Die Mittelwerte innerhalb eines Flavonoides oder Carotenoids mit unterschiedlichen Buchstaben unterscheiden sich signifikant nach dem Tukey-Test ($P \leq 0.05$).

hen Carotinoidgehalt wie beispielsweise Spinat eine spezifische Bakterienpopulation aufweisen, während bei *Brassica*-Gemüsearten, die als typische Sekundärmetabolite Glucosinolate beinhalten, bestimmte kettenförmige Glucosinolate, die sogenannten Alkenyl-Glucosinolate (Tab. 1), die Bakterienbesiedlung im Blatt fördern.

Dieses Ergebnis wurde bestätigt, indem ein für die Pflanze nützlicher Bakterienstamm – ein sogenannter wachstumsfördernder Bakterienstamm mit Namen *Enterobacter radicincitans* (lat. *radicincitans* = das Wurzelwachstum fördernd) – auf die Blätter von fünf Brassica-Gemüsearten aufgebracht wurde. Sechs Wochen nach der Inokulation der Pflanzen mit den Bakterienzellen wurde die Fähigkeit dieser Bakterien, sich an der Pflanze zu etablieren bzw. zu vermehren, mithilfe molekularbiologischer Methoden analysiert.

Wie bereits bei den Studien zur gesamten Bakterienbesiedlung von Gemüsepflanzen gezeigt, wurden die *Brassica*-Gemüsearten unterschiedlich stark durch *Enterobacter radicincitans* besiedelt (Abb. 2). Auch hier wurde deutlich, dass *Brassica*-Arten mit einem hohen Anteil an Alkenyl-Glucosinolaten wie Senfspinat und Weißkohl (Tab. 1) bevorzugt von *E. radicincitans* kolonisiert werden. Auch zeigte sich, dass aromatische Glucosinolate, die verstärkt in der Wasserkresse vorkommen (Tab. 1), die Kolonisierung der Phyllosphäre mit *E. radicincitans* eher hemmen. Wasserkresse ist zudem durch geringe Konzentrationen an verfügbaren Zuckern und Carotinoiden charakterisiert, die für das Wachstum von *E. radicincitans* notwendig sind (Tab. 2 und 3). Blattsenf wird trotz eines hohen Carotinoidgehalts (Tab. 3) nur schwach besiedelt. Grund sind wahrscheinlich die relativ hohen Flavonoidkonzentrationen – Flavonoide weisen ausgeprägte antimikrobielle Eigenschaften auf. Etwas Ähnliches zeigte sich beim chinesischen Brokkoli: Trotz hoher Zuckerkonzentrationen im Blatt (Tab. 2) war die Besiedlung durch *Enterobacter radicincitans* extrem gering. Dies könnte an dem aliphatischen Glucosinolat 4-Methylsulfinylbutyl (Tab. 1) liegen, dessen Abbauprodukte ausgesprochen antimikrobiell wirken, verbunden mit dem relativ hohen Gehalt an dem ebenfall antimikrobiell wirkenden Kämpferol.

Die Untersuchungen machen deutlich, dass die bakterielle Besiedlung der Phyllosphäre bei Gemüse in starkem Maße von den sekundären Pflanzenstoffen bestimmt wird. Damit eröffnet sich auch die Möglichkeit, über die Beeinflussung des Sekundärmetabolitprofils der Pflanzen die bakterielle Population in ihrer Konzentration und Zusammensetzung gezielt zu steuern. Damit sind erste Ansatzpunkte für die Konzeption und Entwicklung eines pflanzenbasierten Probiotikums gegeben. So könnte das derzeitige Angebot an probiotischen Lebensmitteln, bei denen es sich überwiegend um probiotische Milchprodukte handelt, um pflanzenbasierte Probiotika erweitert werden. ■

PD Dr. Silke Ruppel, Dr. Angelika Krumbein und Prof. Dr. Monika Schreiner, Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e.V., Theodor-Echtermeyer-Weg 1, 14979 Großbeeren.
E-Mail: ruppel@igzev.de

VERBORGENE SCHÄTZE FÜR MEHR ERNÄHRUNGSQUALITÄT

Genetische Ressourcen des Hafers

Matthias Herrmann, Christoph Germeier (Quedlinburg)

Hafer zeichnet sich durch einen hohen Gehalt an löslichen Ballaststoffen (β-Glucan), essenziellen Fettsäuren und antioxidativen Vitaminen sowie einer günstigen Aminosäurekomposition seiner Eiweiße aus. Er ist daher aus ernährungsphysiologischer Sicht unser wertvollstes Getreide. Für die Züchtung verbesserter Sorten stellen pflanzengenetische Ressourcen wertvolles Ausgangsmaterial dar. Im Julius Kühn-Institut (JKI) werden derzeit im Rahmen eines Forschungsprojekts genetische Ressourcen des Hafers charakterisiert. An mehreren, über Europa verteilten Standorten werden dafür die Qualitätsmerkmale alter Landsorten und Sammlungsherkünfte bis hin zu modernen Sorten untersucht. In einem weiteren Forschungsprojekt steht die genetische Kartierung von Genomregionen, die an der Ausprägung agronomischer und qualitätsrelevanter Eigenschaften beteiligt sind, im Mittelpunkt. Die Vorhaben sollen dazu beitragen, der vernachlässigten Kulturpflanze Hafer auch künftig ihren Platz in den landwirtschaftlichen Fruchtfolgen zu sichern.

Hafer – eine Fruchtart mit Tradition

Hafer (Gattung *Avena*) wird wie Roggen als sekundäre Kulturpflanze bezeichnet, die mit der Ausbreitung der Landwirtschaft vor ca. 4500 Jahren als Fremdbesatz im Erntegut von Weizen und Gerste ihren Weg nach Nordeuropa fand. In der Folgezeit wurden diploide (Sandhafer, *A. strigosa*), tetraploide (abyssinischer Hafer, *A. abyssinica*) und hexaploide Formen (Saathafer, *A. sativa*) domestiziert.

Die Römer bezeichneten die Germanen verächtlich als Haferfresser. Im Mittelalter war Haferbrei in Mittel- und Nordeuropa noch das wichtigste Grundnahrungsmittel der ärmeren Bevölkerungsschichten. Erst ab dem 13. Jahrhundert setzten sich Brotgetreidearten als Grundnahrungsmittel zunehmend durch. In Deutschland war Hafer noch bis zum Ende des 2. Weltkrieges nach Roggen die zweitwichtigste Getreideart. Im Zuge der Verdrängung von landwirtschaftlichen Arbeitspferden durch Landmaschinen, einer zunehmenden Nahrungsmittelvielfalt und höheren Kaufkraft der Bevölkerung sank die Nachfrage nach Hafer als Nahrungs- und Futtermittel. Heutzutage wird Hafer in der Bundesrepublik noch auf rund 170.000 ha pro Jahr angebaut.

Um den speziellen Sortenanforderungen der Hafer verarbeitenden Industrie gerecht zu werden, wird verstärkt an der Entwicklung von Spezialsorten mit Eigenschaften gearbeitet, die besonders für die menschliche Ernährung und die müllereitechnische Verarbeitung optimiert sind.

Abb. 1: Früchte (Karyopsen) von Formen des Hafers unter dem Einfluss von Domestikation und Züchtung: obere Reihe Wildarten (A. fatua, A. sterilis, A. magna, A. clauda, A. barbata, A. hirtula) – mittlere Reihe primitive Kulturarten (A. abyssinica, A. strigosa, A. strigosa ssp. brevis, A. strigosa ssp. nudibrevis), untere Reihe A. sativa (alte Formen: Gelb-, Rot-, Braun-, und Schwarzhafer – moderne Spelzhafersorte, moderne Nackthafersorte)

Biologische Vielfalt des Hafers

Ähnlich wie bei anderen Getreidearten gibt es auch beim Hafer eine enorme Diversität, die sich in einer eindrucksvollen Formenvielfalt widerspiegelt – Winter- und Sommerformen, Riesen und Zwerge sowie unterschiedliche Wuchstypen und Rispenformen. An den in Form und Farbe sehr variantenreichen Früchten lassen sich einige Arten unterscheiden und die Domestikation erkennen (Abb. 1).
Mehr als 30.000 Muster von Kulturformen und verwandter Wildarten im Besitz europäischer Sammlungen listet die Europäische *Avena*-Datenbank (EADB). Sie sind Teil unseres kulturellen Erbes und ein Fundament künftiger Haferzüchtung. Europa hat eine spezielle Verantwortung für diese Pflanzengattung, da Teile Europas, vor allem Spanien und Portugal, als primäre Diversitätszentren für *Avena*-Arten angesehen werden. Als Vorfahre des heute kultivierten Saathafers gilt *A. sterilis*, eine im südlichen Mittelmeerraum beheimatete hexaploide Wildhaferart (Abb. 2).

Europäische Zusammenarbeit – die *Avena*-Arbeitsgruppe des ECPGR

Das Europäische Kooperationsprogramm für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR; www.ecpgr.cgiar.org/) führt Sammlungen und Forschungsinstitute auf europäischer Ebene zusammen. Das Julius Kühn-Institut (JKI) ist dort unter anderem in der Hafer-Arbeitsgruppe vertreten und koordiniert gegenwärtig das Kooperationsprojekt

Abb. 2: Haferart A. sterilis, Vorfahre des heutigen Saathafers (A. sativa)

„*Avena* Genetic Resources for Quality in Human Consumption (AVEQ)" mit 14 Partnern aus neun EU-Ländern (Abb. 3). Im Rahmen dieses Vorhabens werden rund 600 Sammlungsmuster untersucht, vor allem historisches Material. In verschiedenen Labors werden die in den folgenden Abschnitten beschriebenen Qualitätseigenschaften untersucht (Abb. 4).

Eiweiß und Fett aus Hafer – Garanten für hohe Verträglichkeit

Haferkerne haben einen hohen Proteingehalt (bis zu 24 %). Der hohe Anteil der essenziellen Aminosäure Lysin macht das Eiweiß besonders hochwertig. Die Speicherproteine des Hafers enthalten kein Gluten, sodass er auch von Menschen mit Zöliakie (einer chronischen Erkrankung der Dünndarmschleimhaut) in der Regel vertragen wird.

Der Fettgehalt ist vergleichsweise hoch (bis 8 % TS). Haferfett enthält einen hohen Anteil ungesättigter Fettsäuren und übt damit einen günstigen Einfluss auf das Fettsäuremuster der Lipide im Blutplasma aus. Der Fettgehalt wirkt sich positiv auf das Aroma von Hafererzeugnissen aus, verkürzt aber auch deren Haltbarkeit. In der Sortenzüchtung wird auf geringeren Fettgehalt bei Sorten für die Schälmühlen selektiert.

Abb. 4: Versuchsstandorte im AVEQ-Projekt: Feldversuchsstandorte sind grün markiert, solche mit künstlicher Fusarium-Inokulation rot, reine Laborstandorte gelb. Die Koordination des Projekts erfolgt durch das JKI (blau)

Abb. 3: Projektgruppe des europäischen Projekts AVEQ beim Koordinierungstreffen am JKI in Quedlinburg

β-Glucan – ein hochwirksamer Ballaststoff

Das wasserlösliche *β*-Glucan gehört zu den Polysacchariden. Unterschiede in der Molekülgröße und Feinstruktur des *β*-Glucans innerhalb und zwischen den Getreidearten sind von Bedeutung für die physiologischen Effekte. Nachgewiesen ist, dass sich durch eine regelmäßige *β*-glucanreiche Kost ein erhöhter Serumcholesterinspiegel absenken lässt, wodurch wiederum das Risiko von Herz-Kreislauferkrankungen sinkt. Des Weiteren konnten in zahlreichen Studien eine Absenkung der Blutzuckerwerte und des Insulinbedarfs durch ballaststoffreiche Produkte wie Haferkleie nachgewiesen werden. Bei Bluthochdruckpatienten kann durch ballaststoffreiche Nahrung der Bluthochdruck gesenkt werden.

Die Variationsbreite des *β*-Glucangehalts liegt in der Gattung *Avena* zwischen 2,3 und 11,3 % der Trockenmasse. Zum Vergleich: Weizen, Roggen, Triticale und Reis enthalten ca. 0,1–2,9 % *β*-Glucan.

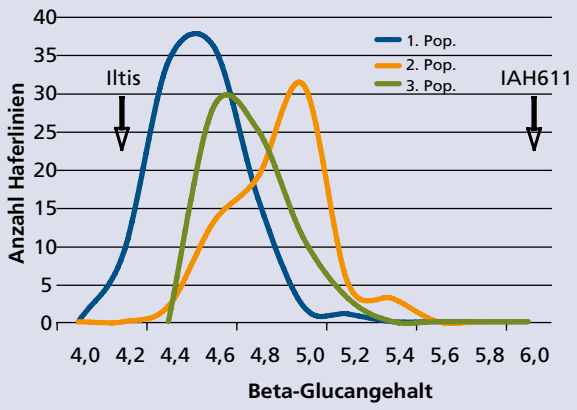
Antioxidantien und Vitamine

Neben dem antioxidativ wirkenden Vitamin E enthält Hafer eine einzigartige Klasse antioxidativer Substanzen, die Avenanthramide. Es besteht eine strukturelle Ähnlichkeit mit dem entzündungshemmenden und antifibrotisch wirksamen Pharmakon Tranilast. Für Avenanthramide werden daher Wirkungen gegen Entzündungen, Arteriosklerose und sogar Krebs vermutet. Im AVEQ-Projekt arbeiten italienische und schwedische Partner an der Quantifizierung von Avenanthramiden, Tocopherolen und Tocotrienolen im AVEQ-Sammlungsmaterial.

Mykotoxine – auch bei Hafer ein Thema

Auch wenn Hafer in der landwirtschaftlichen Praxis als „Gesundfrucht" gilt, wird er von pflanzenpathogenen Pilzen befallen, die in einigen Fällen zur Anreicherung von Pilzgiften (Mykotoxinen) im Korn und im Stroh in der Lage sind. Hierbei spielen mehrere Arten

Abb. 5: Häufigkeitsverteilungen der β-Glucangehalte der drei BC_2F_{2-6} Populationen



der Gattung *Fusarium* eine besondere Rolle. Bisherige europaweite Kontrolluntersuchungen ergaben ein vergleichsweise geringes Kontaminationsniveau von Haferprodukten mit dem „Leit-Toxin" Deoxynivalenol (DON), das häufiger in Hartweizen und Mais und deren Verarbeitungsprodukten gefunden wird. Hafer und Hafernährmittel enthalten dagegen häufiger T-2 und HT-2, zwei Mykotoxine, die von nur wenigen *Fusarium*-Arten gebildet werden. Für T-2/HT-2 - Toxine existieren bislang keine EU-Regelungen. Ihr Auftreten wird aber, gerade bei Haferprodukten, aufmerksam verfolgt. In einem Teilprojekt des AVEQ-Programms wird das Resistenzniveau des Sortimentes gegenüber *Fusarium* geprüft.

Der überwiegende Teil der Mykotoxine befindet sich in den Spelzen, weshalb Hafernährmittel im Gegensatz zur Rohware deutlich seltener kontaminiert sind.

Züchtungsforschung zur Erschließung wertvoller genetischer Ressourcen

Pflanzengenetische Ressourcen sind oft wertvolle Quellen für neue Erbvarianten. Meistens treten die seltenen, aber wertvollen Merkmale in Wildarten jedoch mit anderen, unerwünschten Wildmerkmalen gemeinsam auf. Solche Wildmerkmale sind ein erhebliches Risiko für den Sortenzüchter und begrenzen die Verwendung pflanzengenetischer Ressourcen.

Am JKI wurde in Kooperation mit der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg und der Nordsaat-Saatzucht GmbH ein Forschungsvorhaben durchgeführt, um aus einer Genbank-Akzession, die für ihren besonders hohen β-Glucangehalt bekannt ist (Akzession IAH611-447), die betreffenden Erbanlagen in züchterisch bereits adaptiertes Hafermaterial einzuführen, ohne den „wilden" genetischen Hintergrund mit zu übertragen. Dazu bedienten wir uns der sogenannten AB-QTL-Analyse (*Advanced Backcross QTL Analysis*). Darunter versteht man eine molekulargenetische und phänotypische (= das äußere Erscheinungsbild betreffende) Charakterisierung fortgeschrittener Rückkreuzungspopulationen. Aus der Kreuzung zwischen der Akzession IAH611-447 mit der Sorte ‚Iltis' und mehrmalige Rückkreuzung der Nachkommen mit ‚Iltis' wurden Rückkreuzungspopulationen erzeugt, die im β-Glucangehalt und anderen Merkmalen phänotypisch aufspalten und die in 13 wichtigen Merkmalen charakterisiert wurden. In der Abbildung 5 sind die Häufigkeitsverteilungen der drei untersuchten BC2F2-6 Populationen im Merkmal β-Glucangehalt dargestellt. Die Haferlinien mit dem höchsten β-Glucangehalt wurden in der zweiten Population gefunden, wobei keine der Kreuzungsnachkommen das Niveau des Donors IAH611 erreicht. In anderen Merkmalen übertrafen einige AB-QTL-Linien den jeweils besseren Elter; in der Summe der Eigenschaften sind jedoch weitere Rückkreuzungen notwendig, bevor sie sich über die Sortenentwicklung wirtschaftlich verwerten lassen.

Zur genetischen Kartierung wurden insgesamt 400 molekulare Marker eingesetzt. In den genetischen Karten von drei fortgeschrittenen Rückkreuzungspopulationen konnten 106, 195 bzw. 111 molekulare Marker kartiert werden. Ähnlich wie in AB-QTL-Studien zu anderen Fruchtarten lagen zahlreiche QTL geclustert vor. Die starke Clusterung der QTL verschiedener Merkmale zeigt, dass für eine markergestützte Selektion eine hohe Auflösung der chromosomalen QTL-Region, die mit Markern angesprochen werden soll, notwendig ist, wenn die markergestützte Selektion auf Merkmale wie β-Glucangehalt effektiv sein soll.

Die beiden hier vorgestellten Forschungsaktivitäten – AVEQ und AB-QTL-Kartierung – liefern ein Beispiel dafür, wie einerseits die Erfassung und Dokumentation von Daten zum potenziellen Wert pflanzengenetischer Ressourcen und andererseits die Züchtungsforschung ineinander greifen, um den Wert der pflanzengenetischen Ressourcen auch realisieren zu können. Im vorgestellten Beispiel konnten pflanzengenetische Ressourcen des Hafers aus Genbanken aktiviert und dazu genutzt werden, mittelfristig verbesserte Hafersorten für die menschliche Ernährung zu erhalten und damit zu einer höheren Vielfalt im Getreidebau zu kommen. ■

Dr. Matthias Herrmann, Dr. Christoph Germeier, Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg.
E-Mail: matthias.herrmann@jki.bund.de

» Danksagung:

Das Projekt AVEQ (Förderkennzeichen AGRI 2006-0397) wird durch die Europäische Kommission, Generaldirektion Landwirtschaft und ländliche Entwicklung nach der Rats-Verordnung 870/2004, durch die Peter Koelln KGaA, Deutschland, durch Emco spol. s r. o., Tschechische Republik, sowie durch die Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP) gefördert.

Das Projekt zur AB-QTL-Kartierung (FKZ 03i0619) wurde durch das BMBF gefördert.

Energiepflanzenanbau und Biodiversität

Deutschlandweites Verbundprojekt EVA erforscht Alternativen zum Energiemaisanbau

Michael Glemnitz, Ralph Platen, Karoline Brandt und Johannes Hufnagel (Müncheberg), Christoph Saure (Berlin)

Äcker bieten zahlreichen wildlebenden Pflanzen- und Tierarten Lebensraum; sie sind Ort der Vermehrung der Arten, sie dienen der Futtersuche, einfach nur als Schutz vor Fressfeinden oder als Durchzugsraum. Jede Veränderung in der Landnutzung wirkt sich zwangsläufig auf die Vielfalt, die Zusammensetzung und Funktionen der vorkommenden Arten aus. Ständige Veränderung ist ein Charakteristikum von Agrarlandschaften – die meisten der dort vorkommenden Arten sind bis zu einem bestimmten Maße daran angepasst. Kritisch werden die Effekte der Landnutzungsänderungen erst dann, wenn die Änderung in der Landnutzung die Reproduktion der Arten, ihre Funktionen und ihr Ausweichvermögen nachhaltig einschränken.

Noch vor wenigen Jahren wurde das Ziel, Energie aus Biomasse zu erzeugen, von Politik und Gesellschaft einhellig und vorbehaltlos begrüßt. Die rasante Entwicklung des Bioenergiesektors ging jedoch in den letzten Jahren einher mit Anbaukonstellationen (Grünlandumbruch, Konzentrierung auf wenige Fruchtarten, Uniformierung des Landschaftsbildes), die bestehenden Nachhaltigkeitskriterien widersprechen und die Konflikte zwischen verschiedenen regionalen Nutzungsansprüchen (Naturschutz, Tourismus) verschärfen. Auch wenn diese Entwicklungen nicht direkt mit der energetischen Nutzung von Biomasse zusammenhängen, wird der Anbau von Energiepflanzen im Hinblick auf die zukünftige Ausgestaltung der Förderpolitik zunehmend kritisch hinterfragt.

Gleichzeitig ist es unstrittig, dass der Anbau von Energiepflanzen die Bandbreite der möglichen Fruchtarten im Ackerbau deutlich erweitern kann. Im Vergleich zu der auf die Lebensmittelproduktion ausgerichteten „traditionellen" Landwirtschaft können völlig neue Fruchtarten sowie Mischfrüchte in neuen Fruchtwechselstellungen angebaut werden. Auch mehrjährige Kulturen wie Kleegras werden für eine energetische Nutzung wieder attraktiv. Eine Zunahme der organischen Düngung in Form von Gärresten ist ebenso zu erwarten wie ein verminderter Pestizideinsatz, vor allem bei Insektiziden und Fungiziden, und ein verstärkter Zwischenfrucht- und Zweitfruchtanbau. In der Praxis sind diese neuen Anbauoptionen bislang wenig verbreitet. Das durch die Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe (FNR) geförderte Verbundprojekt „EVA" (**E**ntwicklung und **V**ergleich von optimierten **A**nbausystemen für die landwirtschaftliche Produktion von Energiepflanzen unter den verschiedenen Standortbedingungen Deutschlands) arbeitet daran, durch einen systemati-

schen Vergleich verschiedener Anbauoptionen Alternativen für einen ökonomisch tragfähigen und gleichzeitig ökologisch nachhaltigen Energiepflanzenanbau aufzuzeigen. Zu diesem Zweck werden bisher in sieben und künftig in neun Bundesländern ackerbauliche Anbauversuche zur Prüfung verschiedener Fruchtarten und Fruchtfolgen durchgeführt.

Das Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) in Müncheberg führt im Rahmen des EVA-Projekts die Abschätzung der „Ökologischen Folgewirkungen" durch. Neben den Effekten auf die unbelebte Umwelt bilden die Auswirkungen auf Flora und Fauna einen Schwerpunkt der Forschungsarbeiten. Die Untersuchungen zur Biodiversität konzentrieren sich dabei auf die Frage, wie sich verschiedene Energiepflanzen als Habitat für wildlebende Pflanzen und Tiere eignen. Das Forscherteam entwickelt dafür einen Modellansatz, welcher die potenzielle Habitateignung einzelner Fruchtarten, Fruchtfolgen, Anbausysteme und Landschaftsausschnitte quantitativ vergleichbar macht. Die Modellentwicklung bedient sich dabei der Daten zum Anbau und zur Bestandesentwicklung verschiedenster Fruchtarten aus den Parzellenversuchen im EVA-Verbund und ergänzt diese durch eigene Felderhebungen zur Habitatgüte unterschiedlicher Fruchtarten. Untersucht werden vier Organismengruppen: Beikräuter, Laufkäfer, Spinnen und Blütenbesucher (Wildbienen und Schwebfliegen). Die Habitatnutzung durch Feldvögel wird auf der Basis von Literaturangaben abgeschätzt.

Ziel der Untersuchungen ist es, verschiedene Anbauoptionen für Energiepflanzen vergleichend zu bewerten und Wege aufzuzeigen, wie Biodiversitäts- und Naturschutzziele beim Energiepflanzenanbau besser berücksichtigt werden können.

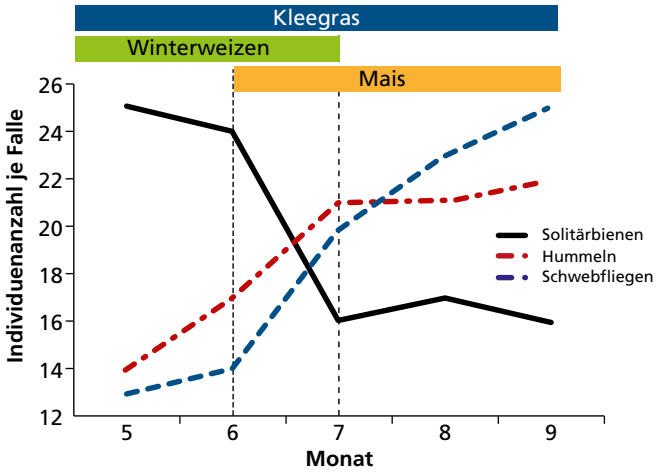
Effekte neuer Fruchtarten

Neue Fruchtarten, teilweise ohne ernährungsrelevante Verwertbarkeit (z.B. Leindotter, durchwachsene Silphie) sowie Mischfrüchte gehören zu den Erfolg versprechendsten Neuerungen in der Landnutzung für die Biodiversität. Die Felduntersuchungen zeigen, dass der überwiegende Teil der in Agrarlandschaften typischerweise vorkommenden Arten nicht an bestimmte Kulturpflanzen gebunden ist. Das Vorkommen der Zielarten orientiert sich vordergründig an der Übereinstimmung ihrer Lebensraumansprüche mit den Anbauperioden der Fruchtarten sowie mit der Bestandesstruktur (Höhe, Dichte) der Kulturpflanzen. Daraus konnte abgeleitet werden, dass neue Fruchtarten vor allem dann diversitätsfördernd wirken, wenn sie in der Anbauzeitspanne und in der Bestandesarchitektur von bisherigen Fruchtarten abweichen. So zeigen beispielsweise die Untersuchungen zu den Blütenbesuchern, dass zwar die höchsten Artenanzahlen im Wintergetreide und im mehrjährigen Ackerfutter auftreten, Wintergetreide, Mais und das Ackerfutter jedoch unterschiedliche Artengruppen anziehen (Abb. 1). Im Wintergetreide dominieren die frühjahrsaktiven Solitärbienen, im Mais die sommeraktiven Schwebfliegen und im Ackerfutter ganzjahresaktive Hummeln. Auch zahlreiche andere Beispiele belegen, dass es keine „guten" oder „schlechten" Fruchtarten aus Sicht der Biodiversität gibt, sondern die Effekte im Zusammenhang mit der Anbauhäufigkeit und räumlichen Konzentration stehen. Selbst Mais kann zur Biodiversität beitragen. Mais wirkt erst dann negativ auf die Biodiversität, wenn sein Anbau regional sinnvolle Anbaugrenzen überschreitet, was jedoch für jede Fruchtart gilt.

Bedeutung vielfältiger Fruchtfolgen

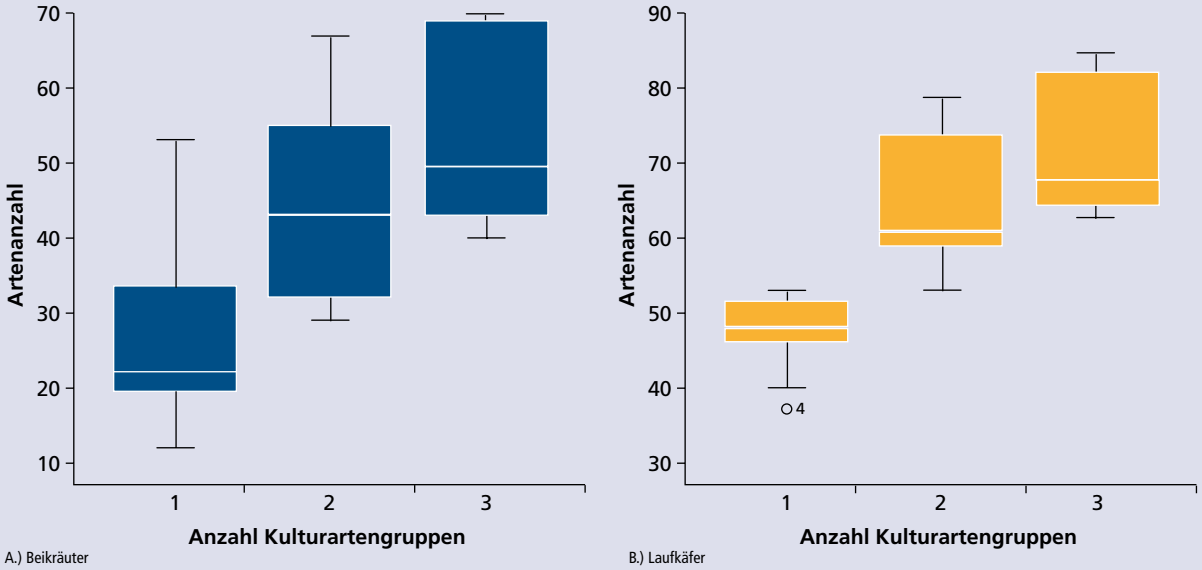
Im EVA-Projekt werden fünf überregionale und 23 regionale Fruchtfolgen über einen Vierjahreszeitraum untersucht. Die Fruchtfolgen setzen sich aus zwei bis drei von fünf zur Verfügung stehenden Fruchtartengruppen (Sommergetreide, Wintergetreide, Körnerleguminosen, Hackfrüchte und mehrjähriges Ackerfutter) zusammen. Die Artenanzahl aller untersuchten Organismengruppen ist in Fruchtfolgen umso höher, je mehr Fruchtartengruppen in den Fruchtfolgen vertreten sind (Abb. 2). Bei Laufkäfern fanden sich in Bayern und Thüringen die meisten Arten in Fruchtfolgen mit mehrjährigen Futtergräsern, in Mecklenburg-Vorpommern in einer Anbaufolge aus Sommergetreide, Wintergetreide und Mais. Die regionsspezifischen Unterschiede sind in erster Linie ein Effekt unterschiedlicher regionaler Arteninventare, welche wiederum im Zusammenhang mit den naturräumlichen Unterschieden (Begleitbiotope, Nutzungsgeschichte) stehen. Die Gesamtanzahl der vorkommenden Individuen pro Organismengruppe (Laufkäfer, Spinnen, Blütenbesucher, Beikräuter) wird durch die Vielfalt in der Fruchtfolgezusammensetzung nicht einheitlich beeinflusst. Hohe oder niedrige Individuenanzahlen treten bei einzelnen Fruchtarten auf und werden durch die zeitliche Abfolge unterschiedlicher Fruchtarten ausgeglichen. Wird die gleiche Fruchtart mehrfach nacheinander angebaut (Monokultur), dann nehmen auf der einen Seite einzelne Gruppen innerhalb der Lebensgemeinschaften stetig zu. Demgegenüber werden die Populationen von 20–35 % aller regional vorhandenen Arten stark reduziert, weil sie auch in mehreren aufeinanderfolgenden Jahren keine geeigneten Habitatbedingungen finden.

Abb. 1: Vorkommen verschiedener Gruppen der Blütenbesucher in Abhängigkeit vom Jahresverlauf, gegenübergestellt mit den Anbauperioden verschiedener Fruchtarten



Quelle: Felduntersuchungen 2005–2007, Untersuchungsgebiet Thüringen

Abb. 2: Zusammenhänge zwischen der Anzahl unterschiedlicher Fruchtartengruppen in der Fruchtfolge und der mittleren jährlichen Artenanzahl der vier Organismengruppen auf Ackerflächen (Als Beispiele Beikräuter und Laufkäfer. Die Boxplots basieren auf den mittleren Artenanzahlen in den unterschiedlichen Fruchtfolgen über alle Untersuchungsgebiete hinweg)



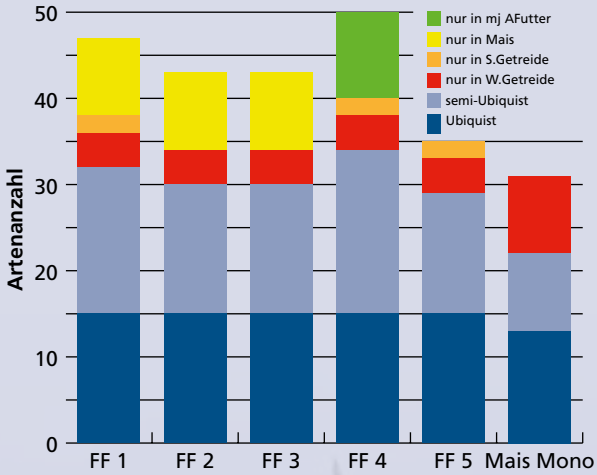
Für eine Förderung der biologischen Vielfalt bieten sich Fruchtfolgen mit mehrjährigen Fruchtarten (z. B. Ackerfutter) besonders an, weil diese deutliche Zusatzeffekte auf die Artenanzahl aller Organismengruppen erbrachten (Abb. 3), insbesondere jedoch für das Vorkommen von Brutvögeln und nahrungssuchenden Vögeln auf den Ackerflächen.

Räumliche Effekte des Energiepflanzenanbaus

Da in Biogasanlagen feuchte Biomassen für die Energiegewinnung verwendet werden, wird es für die betriebliche Anbauplanung zum Schlüsselkriterium, die Transportwege zu minimieren. Daraus folgt, dass sich der Anbau von Energiepflanzen in räumlicher Nähe zur Biogasanlage konzentriert, inklusive der Ausbringung der Entsorgungsprodukte. Es entstehen „geklumpte" Landnutzungsmuster (Abb. 4).

Dieses Phänomen kann insbesondere dann die Habitatnutzung wildlebender Organismen einschränken, wenn nur einzelne Fruchtarten (z. B. Mais) und in Monokultur angebaut werden. Wildlebende Pflanzen und Tiere sind normalerweise in der Lage, bei ungünstigen Lebensbedingungen auf Nachbarflächen auszuweichen oder dort kurzfristig zu überdauern. Anbauveränderungen auf einzelnen Flächen oder in einzelnen Jahren haben deshalb in der Regel keinen bleibenden oder räumlich nachweisbaren Effekt in der Agrarlandschaft. Wenn jedoch der Flächenanteil einzelner Früchte in der Fruchtfolge oder der Fläche stark und dauerhaft zunimmt, können Arten, welche diese Fruchtarten auf Grund des Anbauzeitraumes und der Vegetationsstruktur nicht als Habitat nutzen können, nicht mehr räumlich ausweichen. Dies kann dazu führen, dass Populationen solcher Arten, die heute zum Teil noch sehr häufig sind, nachhaltig reduziert werden. Damit wird ein

Abb. 3: Anzahl der vorkommenden Beikraut-Arten in unterschiedlichen vierjährigen Energiefruchtfolgen



(Modellberechnungen aus Felderhebungen für das Untersuchungsgebiet Thüringen, 2005–2007, Ubiquist – Vorkommen in nahezu allen Fruchtarten, FF – Fruchtfolge, AFutter – Kleegras; FF1: S.Gerste/Ölrettich-Silomais-W.Tritikale/Futterhirse – W.Weizen; FF2: Sudangras-W.Roggen/Silomais-W.Tritikale-W.Weizen; FF3: Silomais- W.Roggen/Sudangras-W.Tritikale/Weidelgras-W.Weizen; FF4: SGerste-Luzerne/Knaulgras-W.Weizen; FF5: Hafer-W.Tritikale-W.Raps-W.Weizen; Mais Mono: Mais-Mais-Mais-Mais)

Abb. 4: Beispiel für die Konzentration des Maisanbaus in räumlicher Konzentration in der Nähe der Biogasanlagen (30 % Energiemais, geklumpte Verteilung, Untersuchungsgebiet Quillow, Brandt 2010)

wichtiger Anpassungsmechanismus der Offenlandarten, nämlich das räumliche Ausweichvermögen, außer Kraft gesetzt.

Erste Modellierungsergebnisse zur Habitatnutzung durch Feldvögel haben gezeigt, dass bei unterschiedlichen Maisanteilen bzw. räumlicher Konzentration von Mais ein differenziertes Verhalten der einzelnen Feldvogelarten zu erwarten ist. Die Reaktion der Vogelarten auf die Konzentration einzelner Fruchtarten hängt davon ab, ob die jeweilige Art auf dem Acker brütet oder diesen nur zur Nahrungssuche nutzt, und ob in den kritischen Phasen der Jungenaufzucht die Futterverfügbarkeit und der Schutz vor Prädatoren durch den Kulturpflanzenbestand gewährleistet wird. Feldlerchen wären demnach bei einer starken Zunahme des Maisanbaus vor allem durch die Verschlechterung des Futterangebotes beeinträchtigt. Auf Grund ihrer langen Brutperiode wird bislang davon ausgegangen, dass Feldlerchen auch im Mais geeignete Brutbedingungen für eine späte Brut (ggf. Zweibrut) finden können. Die Grauammer würde demgegenüber auf Grund ihrer sehr viel kürzeren Brutperiode im Mais keine geeigneten Bedingungen finden, der Flächenanteil ihrer potenziellen Brutflächen würde abnehmen. Der räumlich konzentrierte Anbau von Mais um Biogasanlagen herum wird sich vor allem ungünstig auf Vogelarten auswirken, die in den Strukturelementen (wie z. B. Hecken) brüten und den Acker zur Futtersuche nutzen, wie das Braunkehlchen und der Neuntöter. Durch die Bindung der Brut an das Vorhandensein von Randstrukturen ist ihre räumliche Ausweichmöglichkeit zur Futtersuche stark begrenzt.

Effekte neuer Energiepflanzenarten

Das Projekt EVA wurde 2009 bis zum 31. Januar 2012 verlängert. Die Forschungsarbeiten zur ökologischen Folgeabschätzung konzentrieren sich in dieser Zeit auf die Habitatwirkungen neuer Fruchtarten, insbesondere von Hirse und Mischfrüchten, für Beikräuter, Laufkäfer, Spinnen und Blütenbesucher. Darüber hinaus werden die Langzeiteffekte einer verringerten Insektizidanwendung auf Laufkäfer und Spinnen, der Ausbringung von Gärresten für Collembolen sowie die räumlichen Landschaftseffekte des Energiepflanzenanbaus auf die Biodiversität genauer untersucht. ■

» Info:

Informationen im Internet:
http://www.tll.de/vbp/vbp_idx.htm

Dr. Michael Glemnitz, Dr. Ralph Platen, Karoline Brandt und Johannes Hufnagel, Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung Müncheberg (ZALF), Institut für Landnutzungssysteme, Eberswalder Straße 84, 15374 Müncheberg.
E-Mail: mglemnitz@zalf.de
Dr. Christoph Saure, Büro für tierökologische Studien, Am Großen Wannsee 2, 14109 Berlin.
E-Mail: saure-tieroekologie@t-online.de

Wiese mit Gemeinem Hornklee (Lotus corniculatus), Rot-Klee (Trifolium pratense) und Wiesen-Sauerampfer (Rumex acetosa)

Horst-Henning Steinmann

Artenvielfalt bewirtschafteter Grünlandsysteme ergebnisorientiert honorieren

Ansätze zur Weiterentwicklung von Agrarumweltprogrammen

Sebastian Klimek (Braunschweig), Johannes Isselstein (Göttingen) und Horst-Henning Steinmann (Göttingen)

Biologische Vielfalt bildet die Grundlage für landwirtschaftliche Produktion, Ernährung und die Funktionsfähigkeit von Agrarökosystemen. Der zunehmende Verlust an Biodiversität stellt eine der größten Herausforderungen der Zukunft dar. Vor diesem Hintergrund ist es dringend notwendig, Agrarumweltprogramme als Instrument zur Erhaltung und Förderung der biologischen Vielfalt in Agrarökosystemen weiterzuentwickeln. Der folgende Beitrag zeigt am Beispiel von landwirtschaftlich genutztem Grünland, wie sich die pflanzliche Artenvielfalt durch eine ergebnisorientierte Honorierung erhalten lässt.

Grünland ist ein wesentlicher Bestandteil der landwirtschaftlichen Flächennutzung und unserer Kulturlandschaft. Die verschiedenen Nutzungs- und Bewirtschaftungsformen sowie regional unterschiedliche Standort- und Klimabedingungen haben zu einer großen pflanzlichen Artenvielfalt geführt. Mehr als 2.000 Pflanzenarten kommen in Deutschland im Grünland vor – das entspricht mehr als der Hälfte des deutschlandweiten Bestandes an höheren Pflanzenarten. Seit den letzten Jahrzehnten werden artenreiche Grünlandflächen jedoch stetig weniger. Die Ursachen für diesen Rückgang lassen sich sowohl auf zunehmende Intensivierung der Nutzung (erhöhte Schnitthäufigkeit und Düngung) als auch auf Nutzungsänderungen (Umbruch in Ackerland) zurückführen.

Warum eine Erhaltung notwendig ist

Untersuchungen an experimentellen Grünlandsystemen haben gezeigt, dass mit zunehmender Anzahl an Pflanzenarten beziehungsweise dem Vorhandensein bestimmter Arten die Leistungsfähigkeit und Stabilität von Grünlandsystemen positiv beeinflusst werden

kann. Eine erhöhte Leistungsfähigkeit zeigt sich zum Beispiel in vermehrter Biomasseproduktion, in besserer Nährstoffnutzung, Erosionsvermeidung und Blütenbestäubung von Kulturpflanzen. Artenreiche Grünlandsysteme können zudem stabiler auf äußere Störungen reagieren, die mit künftig zu erwartenden Klimaveränderungen (z. B. Sommertrockenheit) einhergehen können. Diese Fähigkeit zur Anpassung an veränderte Umweltbedingungen dient somit als Rückversicherung für die Leistungsfähigkeit landwirtschaftlich genutzter Grünlandsysteme.

Agrarumweltprogramme

Biologische Vielfalt im heutigen bewirtschafteten Grünland erhält sich nicht von selbst. Durch Agrarumweltprogramme und ihre einzelnen Maßnahmen entlohnt die Gesellschaft vielfältige ökologische Leistungen der Landwirtschaft. Damit sind Agrarumweltprogramme ein wichtiges Instrument, um Umweltziele in der gemeinsamen europäischen Agrarpolitik zu erreichen. Derzeit bestehende feiwillige Agrarumweltmaßnahmen beziehen sich vorwiegend auf den abiotischen Ressourcenschutz (Boden, Wasser und Luft) und mindern beispielsweise langfristig den Nährstoffeintrag in Grund- und Oberflächenwasser. Gezielte Maßnahmen zur Erhaltung und Förderung naturschutzfachlich wertvoller Tier- und Pflanzenarten (biotischer Ressourcenschutz) machen einen Anteil von etwa 20 % der Agrarumweltförderung aus. In den meisten Bundesländern sind diese Maßnahmen in Vertragsnaturschutz- oder Landschaftspflegeprogramme zusammengefasst. In landwirtschaftlich intensiv genutzten Gebieten werden diese Programme allerdings eher wenig in Anspruch genommen.

Die derzeit bestehenden Agrarumweltprogramme werden überwiegend handlungsorientiert anhand von vorgeschriebenen Maßnahmen gestaltet, beispielsweise über die Einhaltung eines bestimmten Mahdtermins auf Grünlandflächen. Vor allem aus naturschutzfachlicher Sicht wird bemängelt, dass die Programme durch ihre Maßnahmenorientierung nicht stark genug an dem Ziel der Erhaltung und Förderung biologischer Vielfalt ausgerichtet sind. Des Weiteren erhält ein teilnehmender Landwirt in derzeitigen Agrarumweltprogrammen für die Umsetzung einer Maßnahme eine einheitlich festgelegte Zahlungsprämie. Da aber für die Landwirte abhängig von ihrer individuellen Situation unterschiedlich hohe Kosten für die Teilnahme an den Programmen anfallen, können Einheitsprämien oft nicht genügend finanzielle Anreize bieten und werden infolgedessen von den Landwirten nur unzureichend akzeptiert. Ein zielgenauer und effizienter biotischer Ressourcenschutz ist auf diese Weise nur eingeschränkt möglich.
Am Zentrum für Landwirtschaft und Umwelt der Georg-August Universität Göttingen wurde im Rahmen des BMBF-geförderten Forschungsverbundes BIOPLEX daher ein innovatives Konzept zur Honorierung pflanzlicher Artenvielfalt auf landwirtschaftlich genutzten Grünlandflächen entwickelt.

Ansätze zur Weiterentwicklung von Agrarumweltprogrammen

Dieses Honorierungskonzept wurde im Landkreis Northeim in Südniedersachsen umgesetzt. Es verfolgte das Ziel, Landwirten finanzielle Anreize für die Förderung des standort- und regionstypischen pflanzlichen Artenreichtums des Grünlands zu bieten und seltene

Horst-Henning Steinmann

Strukturreiche Landschaft mit gemähten Wiesen

Pflanzengesellschaften zu erhalten. Folgende Bestandteile zeichneten das Konzept aus:

- **Ergebnisorientierung:** Honoriert wurden nicht bestimmte Maßnahmen, sondern nachweisliche, einzelflächenbezogene und einem Landwirt zugeordnete Ergebnisse, die als ökologische Leistungen zum Erhalt der pflanzlichen Artenvielfalt definiert wurden. Unter ökologischen Gütern (ÖG) wurden im Falle des Grünlandes eine bestimmte Anzahl an Pflanzenarten und das zusätzliche Vorkommen von definierten Kennarten auf einer Grünlandfläche verstanden. Es wurden drei ökologische Güter festgelegt, die anhand ihrer naturschutzfachlichen Qualität klassifiziert wurden (ÖG I < ÖG II < ÖG III). Während das ÖG I nur eine bestimmte Anzahl an Pflanzenarten vorsah, mussten für das ÖG II und III zusätzlich auch eine definierte Anzahl Pflanzenarten aus einem Kennartenkatalog auf der Fläche vorkommen.
- **Ausschreibungsverfahren:** Um eine effiziente Produktion ökologischer Güter zu ermöglichen, wurde anstelle von Einheitsprämien eine Ausschreibung als marktorientiertes Instrument angewandt. Dabei boten die Landwirte konkurrierend um Honorierungskontrakte für ökologische Güter, deren Vergabe durch ein vorhandenes finanzielles Budget begrenzt war. Die Höhe der Angebotspreise (Euro/ha) richtete sich dabei nach den individuellen Kostenstrukturen und Produktionskosten der teilnehmenden Landwirte. Hierbei wurden die eingereichten Angebote vom niedrigsten Preis aufwärts akzeptiert, bis das verfügbare Budget erschöpft war. Durch die bevorzugte Annahme der wirtschaftlich günstigsten Angebote wurde angestrebt, mit dem vorhandenen Budget die größtmögliche ökologische Wirkung zu erzielen.
- **Regionalität:** Durch die Implementierung des Honorierungskonzeptes in einer definierten Region (Landkreis Northeim) wurden die ökologischen Güter an die individuellen standortspezifischen Bedingungen ausgerichtet.
- **Regionaler Beirat:** In dem Honorierungskonzept wurde die regionale Nachfrage nach ökologischen Gütern durch einen Beirat ausgeübt. Dieser Beirat repräsentierte die wichtigsten Interessengruppen aus Regionalpolitik, Verwaltung sowie Naturschutz- und Landwirtschaftsverbänden.

Im Zuge des Projektes wurden im Landkreis Northeim in den Jahren 2005 und 2006 zwei Ausschreibungen für ökologische Güter des Grünlands durchgeführt.

Erste Erfahrungen

Für die erste Ausschreibung im Jahr 2005 stand ein Budget von 30.000 Euro zur Verfügung. Nach Bekanntmachung der Ausschreibung hatten die Landwirte Gelegenheit, einzelflächenbezogene Angebote über die nachgefragten ökologischen Güter abzugeben. In den Ausschreibungsunterlagen wurde neben der Größe der Flächen, auf denen die ökologischen Güter produzierte wurden, auch der Preis (Euro/ha) angegeben, zu dem das betreffende ökologische Gut (Anzahl von Pflanzenarten und Vorkommen definierter Kennarten) angeboten wurde. Nach Ablauf einer Ausschreibungsfrist wurden die eingereichten Angebote vom niedrigsten Preis aufwärts akzeptiert, bis das verfügbare Budget erschöpft war. Im Folgejahr wurde überprüft, ob die teilnehmenden Landwirte die vertraglich festgelegten Anforderungen erbracht hatten. In diesem Fall erfolgte die Auszahlung des Angebotspreises.

Tab. 1: Im Rahmen der Ausschreibung eingereichte und angenommene Angebote, differenziert nach den ökologischen Gütern (ÖG) im Grünland. Die naturschutzfachliche Qualität (Anzahl von Pflanzenarten und Vorkommen definierter Kennarten) nimmt von ÖG I nach ÖG III zu.

	Ökologischer Güter (ÖG)		
	ÖG I	ÖG II	ÖG III
Eingereichte Angebote			
Anzahl Landwirte	27	16	8
Anzahl Angebote	130	32	18
Angebotsfläche (ha)	221,2	53,3	37,0
Mittelwert Angebotspreis (Euro/ha)	100,9	141,7	202,8
Summe der Angebotspreise (Euro)	20.385,6	6974,0	6388,3
Angenommene Angebote			
Anzahl Landwirte	20	16	8
Anzahl Angebote	109	32	18
Angebotsfläche (ha)	198,3	53,3	37,0
Mittelwert Angebotspreis (Euro/ha)	84,6	141,7	202,8
Summe der Angebotspreise (Euro)	16.100,8	6974,0	6388,3

An dem Ausschreibungsverfahren beteiligten sich 35 Landwirte, die insgesamt 180 Angebote für die Produktion ökologischer Güter einreichten. Die Angebote umfassten eine Gesamtfläche von 311,5 ha; die Summe der Angebotspreise belief sich auf 33.748 Euro. Die Angebotspreise variierten innerhalb der ökologischen Güter. Der durchschnittliche Angebotspreis pro Hektar

Foto: Hans Georg Stroh

Artenreiche Trockenwiese mit Wilder Möhre (Daucus carota) und Rundblättriger Glockenblume (Campanula rotundifolia)

Foto: Hans Georg Stroh

Wiese mit Schlangen-Knöterich (Bistorta officinalis)

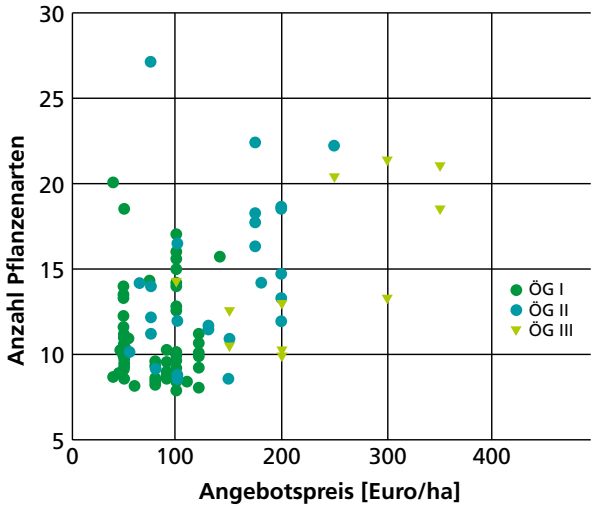


Abb. 1: Zusammenhang zwischen der Artenzahl (Anzahl Pflanzenarten, ohne Gräser) und dem Angebotspreis. Die ökologischen Güter (ÖG) sind durch unterschiedliche Symbole gekennzeichnet.

stieg von 100,90 Euro für das ökologische Gut I (ÖG I) auf 202,80 Euro für das ökologische Gut III (ÖG III) an (Tab. 1). Da das vorhandene Budget durch die Angebote überschritten wurde, wurden für das ÖG I nur Angebote bis zu einem Preis von 145 Euro pro Hektar akzeptiert (Tab. 1). Insgesamt wurden 159 Angebote von 28 Landwirten mit einer Gesamtfläche von 288,6 ha angenommen. Die Kontrolle der ökologischen Güter ergab, dass von den angenommenen Angeboten 85 % die vorgeschriebenen Kriterien erreichten. Dabei bestand zwischen der Anzahl der Pflanzenarten auf den kontrollierten Angebotsflächen und dem Angebotspreis ein signifikanter positiver Zusammenhang (Abb. 1), das heißt, auf den „teureren" Flächen fanden sich tendenziell auch mehr Pflanzenarten.

Möglichkeiten und Grenzen eines ergebnisorientierten Verfahrens

Der „Testlauf" im Landkreis Northeim hat gezeigt, dass sich artenreiche Grünlandflächen durch eine regionalisierte ergebnisorientierte Honorierung erhalten lassen. Durch das Ausschreibungsverfahren als marktorientiertes Instrument konnte die Produktion pflanzlicher Artenvielfalt als zusätzliche Einnahmequelle in den landwirtschaftlichen Betrieb integriert werden. Individuelle Opportunitätskosten und Standortbedingungen der Betriebe für die Erzeugung der ökologischen Güter spiegelten sich in unterschiedlichen Angebotspreisen wider. Die hohe Akzeptanz seitens der Landwirte deutete auf eine gute Praktikabilität und ökonomische Anreizwirkung des Verfahrens hin.

Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass eine ergebnisorientierte Honorierung eine zielgenaue Erhaltung pflanzlicher Artenvielfalt ermöglicht. Dieses Verfahren stellt damit eine sinnvolle Ergänzung zu bestehenden Agrarumweltmaßnahmen dar.

Neuer Arbeitsschwerpunkt

Die Untersuchung und Bewertung der Auswirkungen von Agrarumweltmaßnahmen auf die biologische Vielfalt wird in Zukunft ein Arbeitsschwerpunkt des Instituts für Biodiversität des Johann Heinrich von Thünen-Instituts (vTI) sein. Im Bereich der pflanzlichen Vielfalt wird zudem die Wechselwirkung zwischen Artenvielfalt und Leistungsfähigkeit bzw. Stabilität von Grünlandsystemen untersucht. Darüber hinaus wird die Bedeutung von Steuergrößen der pflanzlichen Artenvielfalt, die auf unterschiedlichen räumlichen Skalen wirken, analysiert. Dazu sind sowohl Erhebungen auf speziell angelegten Experimentalflächen als auch in realen Landschaften vorgesehen.

Basierend auf diesen Untersuchungen sollen Monitoringverfahren und Indikatoren (weiter)entwickelt werden, um die Auswirkungen von Agrarumweltmaßnahmen auf die biologische Vielfalt besser abschätzen zu können. ■

» Info:

Weiterführende Informationen zu dem vorgestellten Honorierungskonzep: http://zlu.agrar.uni-goettingen.de/

Dr. Sebastian Klimek, Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI), Institut für Biodiversität, Bundesallee 50, 38116 Braunschweig. E-Mail: sebastian.klimek@vti.bund.de

Prof. Dr. Johannes Isselstein, Georg-August Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Graslandwissenschaft, von-Siebold-Str. 8, 37075 Göttingen. E-Mail: jissels@gwdg.de

Dr. Horst-Henning Steinmann, Georg-August Universität Göttingen, Forschungs- und Studienzentrum Landwirtschaft und Umwelt (ZLU), Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen. E-Mail: hsteinm@gwdg.de

Anne Richter gen. Kemmermann

Weide mit Wiesen-Schaumkraut-Aspekt (Cardamine pratensis) neben Wiesen-Fuchsschwanz (Alopecurus pratensis) und Gewöhlichem Löwenzahn (Taraxacum officinale, Sect. Ruderalia)

Deutsche Genbank Obst (DGO)

Ein neues Konzept zur Erhaltung alter Obstsorten

Deutsche Genbank Obst
Vielfalt bewahren

Die Erhaltung obstgenetischer Ressourcen ist die Grundlage für eine dauerhafte Sicherung des Obstbaus in Deutschland. Aus diesem Grund werden bereits seit Beginn des 20. Jahrhunderts zahlreiche Sorten unterschiedlicher Obstarten in staatlichen und nicht staatlichen Sammlungen erhalten. Kürzlich wurde die Deutsche Genbank Obst gegründet. Dieses dezentrale Netzwerk hat das Ziel, die Arbeit dieser einzelnen Sammlungen zu koordinieren.

Seit Beginn des letzten Jahrhunderts werden in Deutschland obstgenetische Ressourcen in unterschiedlichsten Sammlungen erhalten. Sie bilden die genetische Basis für die Züchtung neuer Sorten, die mit minimalem Aufwand an Pflanzenschutzmitteln hohe Erträge qualitativ hochwertiger Früchte erbringen sollen. Darüber hinaus sind sie ein Stück Kulturgeschichte und tragen dazu bei, unsere Kulturlandschaft zu erhalten.

Die Sicherung genetischer Ressourcen in vielen voneinander unabhängigen Sammlungen ist problematisch. Während einzelne Genotypen in vielen dieser Sammlungen erhalten werden, kommen andere nur noch in einer, in wenigen oder in keiner Sammlung mehr vor. Das führt langfristig zu einem schleichenden Verlust. Um dieses Risiko zu minimieren, wurde mit der Deutschen Genbank Obst ein dezentrales Netzwerk gegründet mit der Aufgabe, die Arbeit der einzelnen Sammlungen zu koordinieren.

Was soll erhalten werden?

Von insgesamt 50 in Deutschland vorkommenden Obstarten sind 30 heimisch und sollen langfristig erhalten werden. Für jede dieser Arten erfolgt eine Auswahl der zu erhaltenden Sorten. Erhalten werden vor allem deutsche Sorten einschließlich deutscher Neuzüchtungen, Sorten mit soziokulturellem, lokalem oder historischem Bezug zu Deutschland und Sorten mit wichtigen obstbaulichen Merkmalen für Forschungs- und Züchtungszwecke.

Die Struktur der DGO

Die DGO besteht aus einzelnen obstartenspezifischen Netzwerken (z. B. Apfelnetzwerk) in denen sammlungshaltende Partner organisiert sind (Abb. 1). Partner können Bundes- und Landeseinrichtungen, Landkreise, Kommunen sowie Vereine und andere nicht staatliche Organisationen sein, die sich verpflichten, ihre Sammlungen zu erhalten, zu evaluieren und zu dokumentieren. Darüber hinaus verpflichten sie sich auch zur Abgabe von Pflanzenmaterial.

Die Koordinierung der Netzwerke übernimmt die Koordinierungsstelle. Diese befindet sich am Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst des Julius Kühn-Instituts (JKI). Die Koordinierungsstelle wird von einem Fachbeirat beraten, der sich im Oktober letzten Jahres konstituiert hat. Der Schwerpunkt seiner Beratungstätigkeit liegt dabei auf Fachfragen, wie der Charakterisierung und Evaluierung genetischer Ressourcen, der Inventarisierung und Dokumentation, der Sortimentserhaltung und dem Sammlungsmanagement, dem Aufbau von Kapazitäten und der Öffentlichkeitsarbeit. Auf internationaler Ebene wird die DGO durch das Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) vertreten.

Der Stand des Aufbaus

Bislang wurden drei obstartenspezifische Netzwerke etabliert. Zwei wurden im Frühjahr 2009 während der Grünen Woche von Bundes-

landwirtschaftsministerin Ilse Aigner eröffnet; als drittes wurde das Apfelnetzwerk im Oktober 2009 im Rahmen einer Festveranstaltung am JKI in Dresden eröffnet.
Im Apfelnetzwerk engagieren sich sechs sammlungshaltende Partner, sie wollen insgesamt 950 als „erhaltenswert" eingestufte Apfelsorten erhalten. Die beiden Partner des Erdbeernetzwerkes wollen insgesamt 389 Sorten erhalten. Im Kirschennetzwerk haben sich sieben Partner zusammengeschlossen, sie wollen 289 Süß- und 97 Sauerkirschsorten erhalten.

Sortenechtheitsprüfung

Die Echtheit der zu erhaltenden Sorten wird durch pomologische (= obstbaukundliche) Prüfungen gewährleistet. Die pomologische Bestimmung der Apfelsorten hat im Herbst 2009 begonnen und wird vom KOB Bavendorf in Zusammenarbeit mit dem Pomologen-Verein e. V. realisiert. Für die Kirschen wird die Bestimmung im Frühjahr 2010 beginnen und von Frau Dr. Braun-Lüllemann und Herrn Bannier (beide Pomologen-Verein e.V.) organisiert. Bei Erdbeeren gestaltet sich die pomologische Bestimmung aufgrund fehlender Experten sehr schwierig. Lösungsmöglichkeiten werden mit dem Fachbeirat diskutiert. Anschließend werden für alle Sorten DNA-Fingerprints erstellt.

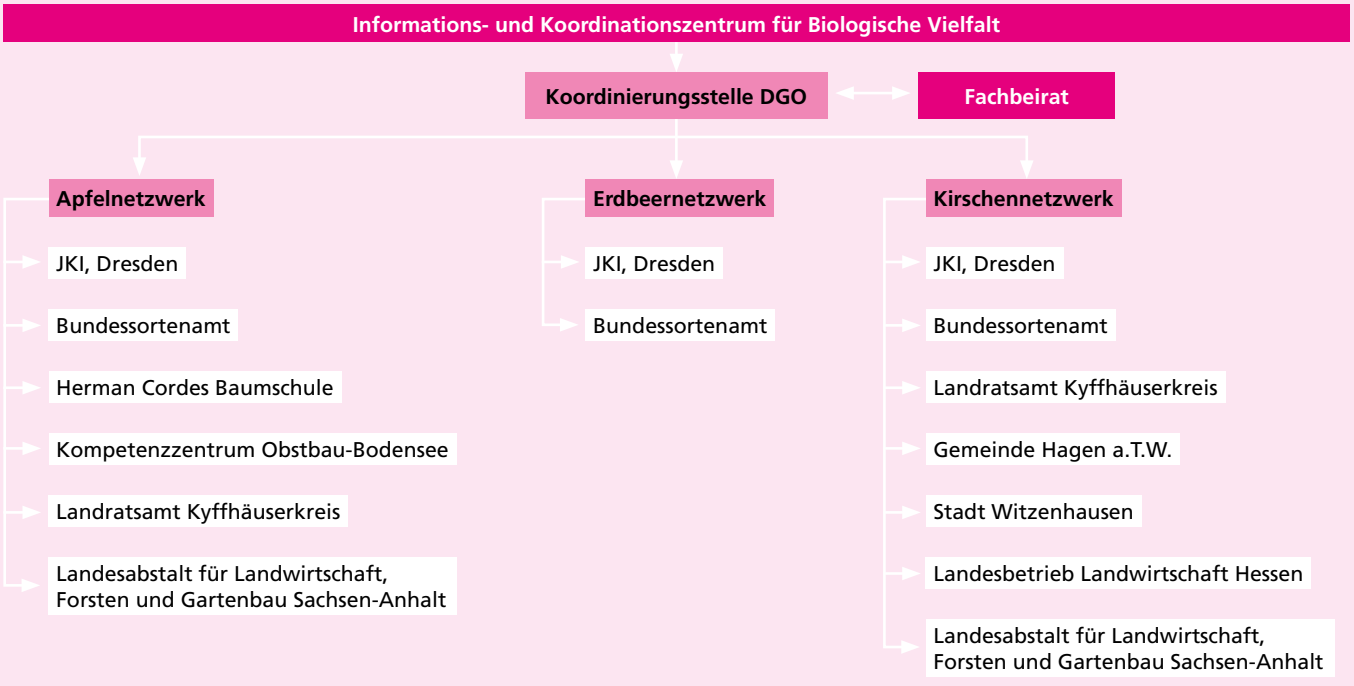
Dokumentation

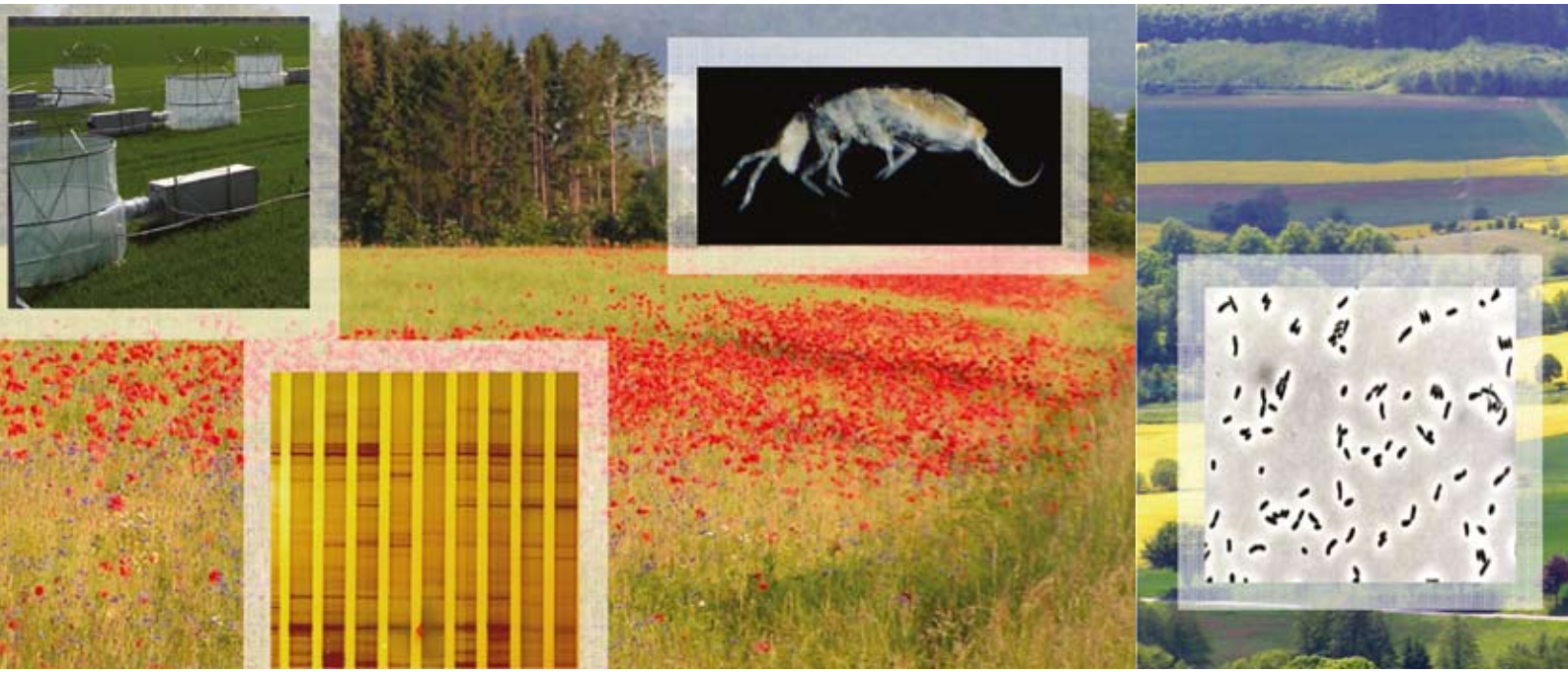
Die Dokumentation der zu erhaltenden Sorten sowie der dazugehörigen Evaluierungsdaten erfolgt über die unter www.deutsche-genbank-obst.de/ zu erreichende Webseite der DGO. Diese wird im Moment vom JKI überarbeitet und ab Mitte 2010 unter der Adresse www.deutsche-genbank-obst.jki.bund.de erreichbar sein. ■

Die Koordinierungsstelle der Deutschen Genbank Obst befindet sich am Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst des Julius Kühn-Instituts, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen in Dresden-Pillnitz.

Dr. Henryk Flachowsky, Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst, Pillnitzer Platz 3a, 01326 Dresden.
E-Mail: henryk.flachowsky@jki.bund.de

Abb. 1: Deutsche Genbank Obst (DGO): Momentan existieren drei Netzwerke für Apfel, Erdbeere und Kirsche.





Johann Heinrich von Thünen-Institut

Institut für Biodiversität

Die Frage nach der Bedeutung von Biodiversität für die Struktur und Leistung von Ökosystemen sowie die Besorgnis über den Verlust der biologischen Vielfalt, zum Beispiel durch Lebensraumverluste, unerwünschte Stoffeinträge, Veränderungen des Klimas oder die Verbreitung gebietsfremder Organismen, haben das BMELV veranlasst, die Ressortforschungsaktivitäten im diesem Bereich auszudehnen und ein Institut für Biodiversität im Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI) zu gründen.

Wesentliche Bestandteile der Biodiversität – und der für den Agrarsektor relevanten Agrobiodiversität – werden durch die Tätigkeit des Menschen gesteuert. Die Wechselwirkungen zwischen Umweltfaktoren, Bewirtschaftungsmethoden und biologischer Ausstattung zu erkennen und daraus Prognosen für die Zukunft abzuleiten, ist notwendig, um die Funktionen der jeweiligen Ökosysteme zu sichern. Vor dem Hintergrund des enorm vielfältigen Themas Biodiversität konzentrieren sich die wissenschaftlichen Aufgaben des Instituts auf die Untersuchung biodiversitätsrelevanter Fragen im Bereich der landwirtschaftlichen Flächennutzung. Organisiert werden die Forschungsaktivitäten in drei Arbeitsbereichen (Abb. 1) Im Vordergrund steht die Analyse von Strukturen und Prozessen auf kleineren Skalen bis zur Feld- und Schlagebene. Eingesetzt werden hier unter anderem moderne Methoden der Molekularbiologie und der experimentellen Manipulation von Ökosystemausschnitten. Gleichzeitig werden Verfahren zur Bewertung von Biodiversität auf größeren räumlichen Skalen bis zur Landschaft entwickelt. Darüber hinaus nimmt das Institut koordinierende Aufgaben zur Biodiversitätsforschung im vTI und darüber hinaus wahr.

Arbeitsbereich Bodenbiologie

Um zu verstehen, welche Bedeutung die biologische Vielfalt in Böden für die Funktion, Leistung und Stabilität von Agrarökosystemen hat, sind vertiefte Kenntnisse zu den funktionellen Wechselwirkungen der Bodentiere und Bodenmikroorganismen untereinander sowie mit ihrer Umwelt nötig. Bodenzoologische Untersuchungen ermitteln hierzu die Rolle von Bodentieren (z.B. Regen- und Fadenwürmer, Springschwänze) und deren Gemeinschaften im Hinblick auf Ökosystem-Dienstleistungen (z. B. Kohlenstoff- und Stickstoffumsatz, Wassertransport, Bildung der Bodenstruktur). Moderne Methoden der Mikrobiologie und der molekularen Ökologie werden genutzt, um die vielfach noch unbekannte mikrobielle Vielfalt in Böden zu erfassen und deren Rolle für die Funktion von Agrarökosystemen sowie die Anpassungsfähigkeit von Mikroorganismen an veränderte Umwelten zu untersuchen. Berücksichtigt werden verschiedene Kompartimente des Bodens (z. B. organomineralische Fraktionen, Rhizosphäre, Darm von Bodentieren, Grundwasser).

Arbeitsbereich Agrarökologie

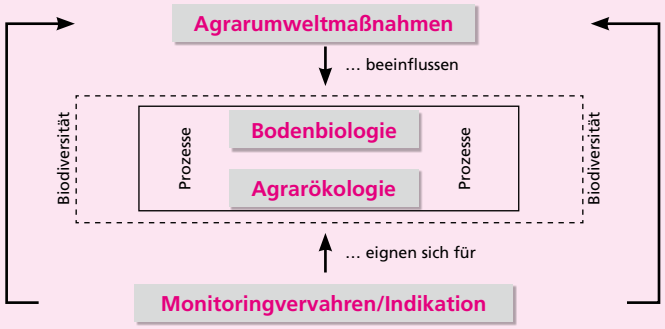
Hier steht die pflanzliche Biodiversität im Mittelpunkt, da die Vielfalt der Kultur- und Wildpflanzen unsere Agrarlandschaften prägt. Art und Intensität der Landnutzung (z. B. Fruchtfolgegestaltung, ökologische vs. konventionelle Verfahren) und/oder externe Einflüsse (z. B. Klimawandel, Stoffeinträge) beeinflussen diese Vielfalt. Ziel ist es, die Potenziale und Risiken dieser Einflüsse für die floristische Vielfalt auf der Gen-, Art- und Populationsebene festzustellen, um daraus geeignete Erhaltungsstrategien abzuleiten. Mit pflanzenökologischen und ökophysiologischen Methoden werden Zusammenhänge zwischen der Kultur- und Wildpflanzenvielfalt und Faktoren des Klimawandels (CO_2, Temperatur, Niederschlag) ermittelt. Experimentelle Feldversuche sollen praxisrelevante Daten liefern, mit denen sich bewerten lässt, inwieweit der Klimawandel die pflanzliche Vielfalt beeinflusst bzw. welche Arten/Sorten oder Artenkombinationen (z. B. in Grünlandökosystemen) stabil gegenüber klimatischen Veränderungen sind. Die Ergebnisse dieser Prozessstudien dienen als Datengrundlage für Modellanwendungen.

Arbeitsbereich Agrarumweltmaßnahmen, Indikatoren, Monitoring

Agrarumweltmaßnahmen als Elemente der Agrarpolitik sind für die biologische Vielfalt von besonderer Relevanz. Im Institut sollen Konzepte entwickelt und Handlungsempfehlungen abgeleitet werden, die eine stärkere Ausrichtung von Agrarumweltmaßnahmen auf den Erhalt von Biodiversität und die Aufrechterhaltung von ökosystemaren Funktionen und Dienstleistungen ermöglichen. Beispielhaft soll dazu artenreiches, extensiv genutztes Grünland untersucht werden, das als Landnutzungsform wesentlich zur Biodiversität in Agrarlandschaften beiträgt. Insbesondere sollen Kriterien für die ökologische Effektivität von Agrarumweltmaßnahmen entwickelt bzw. getestet werden. Auch bei der Evaluierung, inwieweit sich bestehende Agrarumweltmaßnahmen für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der Agrobiodiversität einsetzen lassen, besteht Handlungsbedarf. Vor allem müssen dafür geeignete Monitoring- und Indikatorsysteme entwickelt werden. Eine koordinierte Erfassung biologischer Vielfalt in Agrarlandschaften in Deutschland ist bislang noch nicht erfolgt. Das heißt, es besteht Bedarf an weiteren systematisch erhobenen Informationen zu den Zuständen und Veränderungen von Bestandteilen der biologischen Vielfalt. Dazu sollen geeignete Monitoringmethoden entwickelt, Pilotstudien durchgeführt und existierende Informationen gesammelt und aufgearbeitet werden. Es ist geplant, dabei neben der Artebene auch die genetische Variabilität von Organismen in der Agrarlandschaft zu berücksichtigen. ■

Prof. Dr. Hans-Joachim Weigel, Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI), Institut für Biodiversität, Bundesallee 50, 38116 Braunschweig.
E-Mail: hans.weigel@vti.bund.de

Abb. 1: Verknüpfung der Aufgabenfelder des vTI-Instituts für Biodiversität



Friedrich-Loeffler-Institut

PopRep – ein neuer Web-Dienst

Monitoring landwirtschaftlicher Zuchtpopulationen

Die „Rio-Konvention" zur biologischen Vielfalt (1992) hat einen Fokus auf den Erhalt der Diversität von Rassen innerhalb der Arten landwirtschaftlicher Nutztiere gesetzt. Während es bei zahlenmäßig kleinen Populationen offensichtlich ist, dass sie des Schutzes bedürfen, ist dieses bei großen Populationen nicht so deutlich. Deren Bedeutung ist für die Erzeugung von Nahrungsmitteln aber ungleich größer, sodass ihre genetische Verarmung möglicherweise auch ungleich schwerwiegender wäre. Daher hat das „Nationale Fachprogramm zur Erhaltung tiergenetischer Ressourcen" ein regelmäßiges Monitoring aller Rassen in Deutschland vorgeschlagen.

Die Erhaltung genetischer Vielfalt landwirtschaftlicher Nutztiere basiert zweckmäßigerweise auf der Berechnung populationsgenetischer Maßzahlen wie der Inzuchtsteigerung und der effektiven Populationsgröße (genetisch idealisierte Population bzw. kleinste überlebensfähige Population). Diese und andere Parameter der Populationsdynamik lassen sich prinzipiell aus den Abstammungsnachweisen, also den Pedigrees der Zuchttiere einer Population, berechnen. Solche Pedigreedateien sehen für alle landwirtschaftlichen Nutztiere gleich aus und ermöglichen somit ihre Auswertung unabhängig von Rasse und Spezies. In ihnen ist das Geburtsdatum jedes Tieres, sein Geschlecht sowie Vater und Mutter aufgeführt.

Einfaches und robustes Verfahren

Auf dieser Grundlage wurde am Institut für Nutztiergenetik des Friedrich-Loeffler-Instituts (FLI) das Web-basierte Softwaresystem „PopRep" entwickelt (Abb. 1), das komplett über die eingegebenen Daten parametrisiert wird. Es ist einfach zu handhaben und steht weltweit frei unter http://poprep.tzv.fal.de zur Verfügung. PopRep verfolgt drei Ziele:

1. Es kann auf sehr einfache Weise ein Satz von Parametern aus den Pedigrees erzeugt werden, die für die Biodiversität wichtig sind und die zum Beispiel für die jährliche Berichterstattung über die Rasse genutzt werden können.
2. Die Resultate können im Sinne eines Frühwarnsystems in kleinen und großen Populationen genutzt werden, um auf diese Weise rechtzeitig negativen Trends in der Populationsgröße (z. B. Inzuchtsteigerung) begegnen zu können.
3. Zwischenergebnisse können für weitere Untersuchungen erzeugt werden.

Das Web-System arbeitet nach einem für den Nutzer einfachen Prinzip: Dieser sendet eine Pedigree-Datei (Upload) an den Server, dort

werden alle Berechnungen ausgeführt und die Ergebnisse über E-Mail an den Benutzer zurückgesandt. Optional werden dem Nutzer auch tierindividuelle Inzucht-Koeffizienten sowie alle numerischen Daten der Berichtstabellen vollautomatisch zur weiteren Bearbeitung zur Verfügung gestellt.
Die eigentliche Datenverarbeitung erfolgt auf dem Web-Server vollautomatisch ohne jegliche manuellen Eingriffe. Da es sich hierbei um eine ganze Serie von Programmmodulen und -schritten handelt, kann man sich den Ablauf wie das Durchfließen einer Pipeline vorstellen. Die sieben Hauptschritte sind in Abbildung 2 dargestellt.

Weltweite Nutzung

Trotz einfacher Struktur der Eingangsdaten hat die formale und inhaltliche Prüfung dieser Daten einen hohen Stellenwert. Nicht selten kommt es vor, dass Zuchtdaten – auch elektronisch geführte – gravierende Mängel aufweisen, zum Beispiel Datumsfehler oder Pedigree-Schleifen.
Mit der Entwicklung des komplexen PopRep-Software-Systems als Web-Service wird dem Anwender eine betont einfache Schnittstelle zur Verfügung gestellt, die eine komplizierte lokale Installation überflüssig macht und direkt weltweit zugänglich ist.
Nach der Freigabe von PopRep im September 2009 wurden als erste Nutzer Kollegen aus Malaysia und Kolumbien registriert. Inzwischen hat es Zugriffe aus 34 Ländern gegeben, die das System zumindest ausprobiert haben (zum Beispiel mit der auf der Web-Seite zur Verfügung stehenden Testdaten), während in ernsthafter Nutzung mehr als 350 Projekte aus 20 Ländern ausgewertet wurden.
Das Verfahren wurde zur Analyse von Milch- und Fleischrindern sowie von Schafen und Schweinen aus Brasilien, Südafrika und Deutschland eingesetzt, wobei sechs Verfahren zur Berechnung der effektiven Populationsgröße untersucht wurden.
Die Ergebnisse können sowohl für das Monitoring als auch zum Populationsmanagement genutzt werden.

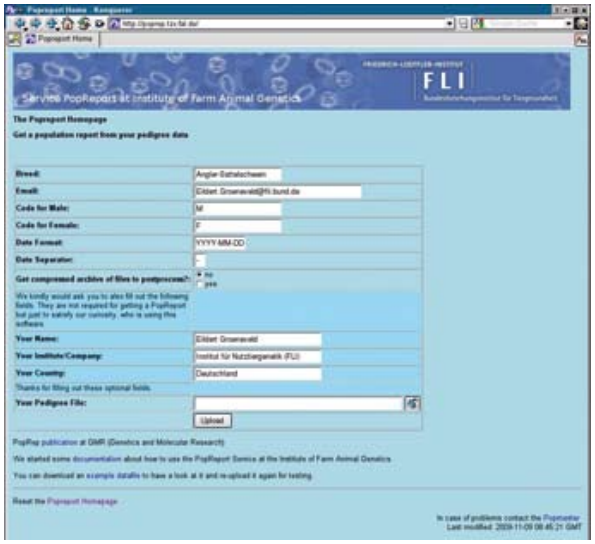


Abb. 1: PopRep Web-Service

Der neue PopRep-Dienst liefert einen unmittelbaren Beitrag zur schnellen Verbreitung neuer wissenschaftlicher Verfahren. Er versetzt damit Kollegen weltweit in die Lage, in viel kürzerer Zeit Ergebnisse zu produzieren, als es sonst möglich gewesen wäre. Dieses ist besonders im Bereich der Erhaltung biologischer Vielfalt zu begrüßen, weil hier schnelles Reagieren das Gebot der Stunde ist. Hierfür kann PopRep die notwendigen Daten bereitstellen.
In Zukunft werden wir sicher mehr solcher Web-Dienste sehen – auch im Bereich der Tierzüchtung und Erhaltung genetischer Ressourcen.■

FLI *Dr. Dr. h.c. mult. Eildert Groeneveld und Helmut Lichtenberg, Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Nutztiergenetik, Höltystr. 10, 31535 Neustadt/Mariensee.*
E-Mail: eildert.groeneveld@fli.bund.de

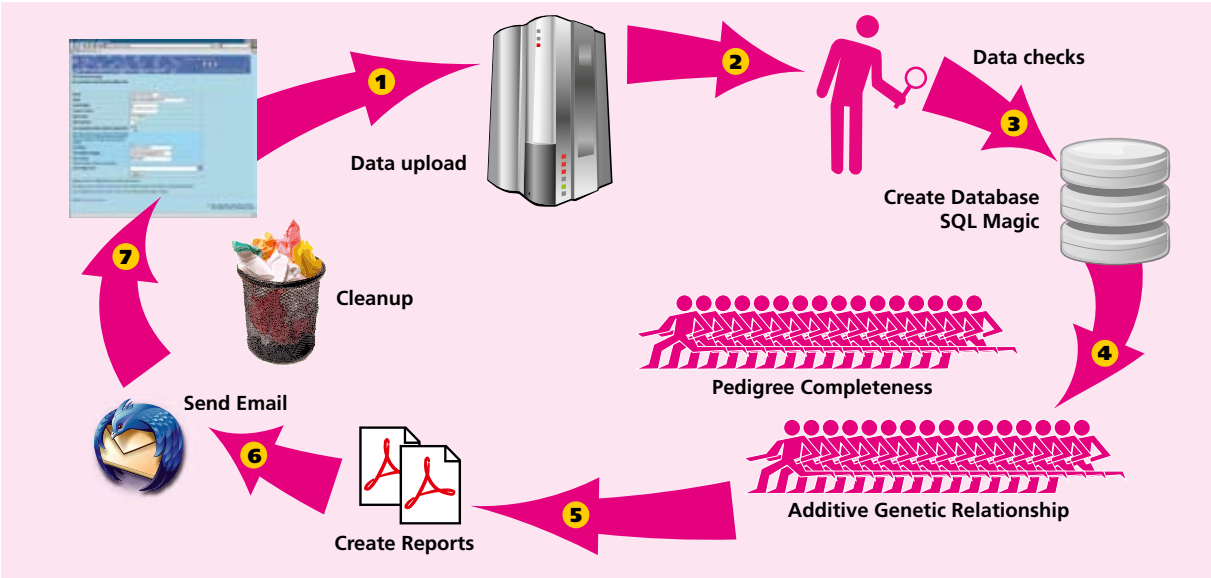
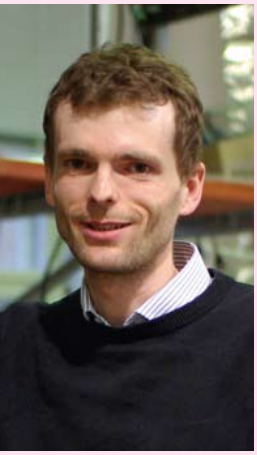


Abb. 2: Pipeline der Auftragsabarbeitung

Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim

Mit Biogas und Biokohle zur Kohlenstoffsenke

Die effiziente und nachhaltige Konversion von Biomasse zu hochwertigen Energieträgern und Kohlenstoffsenken ist das Ziel des Ende 2009 gestarteten Forschungsprojekts APECS (Anaerobic Pathways to Renewable Energies and Carbon Sinks).



»Unser Ziel ist es, eine höhere Effizienz und Wertschöpfung bei der Nutzung organischer Reststoffe zu erreichen, ohne dabei in Konkurrenz zur Nahrungsmittelproduktion zu treten. Darüber hinaus wollen wir durch unser Konzept dazu beitragen, die Bodenfruchtbarkeit nachhaltig zu erhöhen und CO_2 dauerhaft aus der Atmosphäre zu entfernen«

Dr. Jan Mumme,
Leiter der APECS-Nachwuchsgruppe am Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim (ATB).

Die 16-köpfige APECS-Arbeitsgruppe wird sich in den nächsten fünf Jahren der Entwicklung eines neuen und leistungsfähigen Hybridverfahrens widmen, das die Vergärung von Biomasse zu Methan kombiniert mit einer thermochemischen Karbonisierung der Gärrückstände zu Biokohle.

Als Kerntechnologie zur energieeffizienten Biogaserzeugung nutzt APECS das von Dr. Jan Mumme mitentwickelte „Aufstromverfahren". Es zeichnet sich unter anderem durch eine hohe Produktivität bei hoher Gasausbeute sowie durch eine hohe Toleranz gegenüber faserreichen Eingangsstoffen aus. Damit ermöglicht es in idealer Weise eine Integration der thermo-chemischen Karbonisierung. Auf den Einsatz von Energiepflanzen werden die Forscher bewusst verzichten. „Wir nutzen nur bisher wenig erschlossene Reststoffe, beispielsweise Stroh, Grünschnitt aus der Landschaftspflege oder Festmist aus der Tierhaltung", betont Jan Mumme. Eine Pilotanlage, die nach dem weiterentwickelten Aufstromverfahren arbeitet, soll in den nächsten beiden Jahren errichtet werden.

Der zweite Schwerpunkt innerhalb des Projekts ist die Karbonisierung der Gärrückstände zu Biokohle. Die intensive landwirtschaftliche Bewirtschaftung und der fortschreitende Klimawandel führen tendenziell zu einer Verringerung des Kohlenstoffs im Boden und damit zu einem Rückgang des Humusgehaltes. In der Folge kann der Boden Wasser und Nährstoffe nicht mehr ausreichend speichern. Biokohle könnte die Funktion von natürlichem Humus übernehmen und so die Haltefähigkeit des Bodens für Nährstoffe und Wasser nachhaltig erhöhen.

Im Rahmen des Projektes sollen die Eigenschaften der aus Gärresten erzeugten Biokohle analysiert und optimiert werden – auch, um mögliche negative Effekte wie das Einbringen anorganischer Schadstoffe in den Boden zu vermeiden. „Ausgangsmaterial und Prozessführung beeinflussen die Struktur und Beschaffenheit der Biokohle, das macht eine gezielte Steuerung der Biokohle-Synthese notwendig", erläutert Mumme. Mit der Biokohle will das APECS-Team den Landwirten einen biologisch stabilen und sicheren Bodenhilfsstoff und Dünger zur Verfügung stellen. Der auf diese Weise im Boden gebundene Kohlenstoff wird gleichzeitig über Jahrzehnte der Atmosphäre entzogen. Auf diese Weise kann sich die Landwirtschaft unter Wahrung regionaler Stoffkreisläufe als echte Kohlenstoff-Senke etablieren.

APECS zählt zu den Gewinnern des „Ideenwettbewerbs Bioenergie – Neue Wege beschreiten" und wird im Rahmen des BMBF-Förderprogramms „BioEnergie2021" gefördert. ■

» Info:
Mehr Informationen unter: www.atb-potsdam.de/apecs

Helene Foltan und Dr. Jan Mumme,
Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim e. V. (ATB),
Max-Eyth-Allee 100, 14469 Potsdam.
E-Mail: jmumme@atb-potsdam.de

Bundesinstitut
für Risikobewertung

Nanosilber gehört nicht in Textilien und Kosmetika

Die antimikrobiellen Eigenschaften von Silberionen machen sich Hersteller von verbrauchernahen Produkten seit langem zunutze. In jüngster Zeit wird Silber zunehmend auch in Form von Nanopartikeln eingesetzt (Teilchen mit einem Durchmesser kleiner als 100 Nanometern). So sollen zum Beispiel die mit Nanosilber beschichteten Oberflächen in Kühlschränken das Wachstum von Keimen verhindern, in Sportsocken soll es die Geruchsbildung vermeiden. Ob von Nanosilber ein gesundheitliches Risiko für Verbraucher ausgeht, lässt sich derzeit nicht abschließend beurteilen. „Solange wir mögliche gesundheitliche Risiken nicht sicher ausschließen können, empfehlen wir Herstellern, auf Nanosilber in verbrauchernahen Produkten zu verzichten", sagt BfR-Präsident Professor Dr. Andreas Hensel.

Nanopartikel haben andere physikalische Eigenschaften als größere Teilchen des gleichen Stoffes. Dies macht sie für unterschiedliche Einsatzbereiche interessant. Dabei ist nicht abschließend geklärt, ob sich ihre toxikologischen Eigenschaften ändern und sie zum Gesundheitsrisiko für Verbraucher werden können.

Das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) sieht Forschungsbedarf zur Klärung grundlegender Fragen im Zusammenhang mit der Verwendung von nanoskaligem Silber als antimikrobiell wirkendes Material: In welchem Maße kommen Verbraucher mit diesen Silberteilchen in Kontakt? Was bewirkt Nanosilber im Menschen, wie groß ist die Gefahr der Resistenzentwicklung?

Auf die Verwendung von nanoskaligem Silber in verbrauchernahen Produkten empfiehlt das BfR bis zum Vorliegen einer abschließenden Sicherheitsbewertung ganz zu verzichten. In Lebensmitteln sind nanoskalige Zusatzstoffe ohnehin zulassungspflichtig. Nanosilber ist in Lebensmitteln nicht zugelassen. Das BfR hat eine Stellungnahme zum Thema veröffentlicht, die auf der Homepage www.bfr.bund.de einsehbar ist. ■

Max Rubner-Institut

Biokäufer zeigen bewussteres Ernährungsverhalten

Es gibt einen Zusammenhang zwischen dem Einkauf von Biolebensmitteln und dem Lebensstil. Die Auswertung der Nationalen Verzehrsstudie II, die am Max Rubner-Institut durchgeführt wurde, ergab zahlreiche signifikante Beziehungen. Biokäufer ernähren sich gesünder als Nicht-Biokäufer. Eine eindeutige Beziehung besteht auch zwischen der Kaufintensität von Biolebensmitteln und einer vorteilhaften Lebensmittelauswahl sowie anderen Aspekten gesundheitsrelevanten Verhaltens.

Rund 14.200 Menschen haben für die Nationale Verzehrsstudie II exakte Auskunft über ihre Ernährungsgewohnheiten gegeben. Damit haben sie die umfassendste Datenbasis geliefert, die es zu diesem Thema in Deutschland jemals gab. Durch Kombination der erhobenen Daten ist es möglich, die Biokäufer ausführlich zu charakterisieren. Bei einem Workshop wurden jetzt die interessantesten Ergebnisse vorgestellt.

Insgesamt zeigen Biokäufer eine günstigere Lebensmittelauswahl: Sie verzehren mehr Obst und Gemüse und weniger Fleisch und Wurstwaren als Nicht-Biokäufer. Auch Süßwaren und Limonaden werden weniger konsumiert. Biokäufer rauchen weniger und sind sportlich aktiver als Menschen, die keine Biolebensmittel kaufen.

Deutliche Unterschiede finden sich auch bei den Themen Ernährungswissen und Ernährungsinformation: Die Auswertung ergab für die Biokäufer einen Anteil von 39 Prozent in der Kategorie „gutes Ernährungswissen", bei den Nicht-Biokäufern waren es nur 23 Prozent.

Unter den Käufern von Bioprodukten sind nicht nur Personen mit hohem Einkommen. Selbst in der Gruppe mit dem niedrigsten Einkommen fanden sich sogenannte Intensivkäufer von biologischen Lebensmitteln. Mehr als die Hälfte der Bio-Intensivkäufer sind über 50 Jahre alt.

Das Projekt wurde vom BMELV im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau (BÖL) gefördert. ■

Senat der
Bundesforschungsinstitute

Neue Geschäftsstelle des Senats

Anfang dieses Jahres hat der Senat der Bundesforschungsinstitute im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) eine neue Geschäftsstelle am Julius Kühn-Institut in Berlin-Dahlem eingerichtet. Die beiden Mitarbeiterinnen, Dr. Michaela Nürnberg und Dr. Antje Töpfer, unterstützen den Senat durch eine einrichtungsübergreifende Presse- und Öffentlichkeitsarbeit und helfen bei der übergreifenden Wissenschaftskoordination und der Betreuung der Senatsarbeitsgruppen.

Der Informationsaustausch zwischen den Bundesforschungsinstituten, dem Bundesinstitut für Risikobewertung und den sechs Einrichtungen der Leibniz-Gemeinschaft im Forschungsbereich des BMELV ist für den Senat ein wichtiges Anliegen. Daher werden die Senatsarbeitsgruppen, die für die fachliche Quervernetzung der Bundesforschung im Agrar- und Ernährungsbereich stehen, von der Geschäftsstelle unterstützt. So leistet sie den Senatsarbeitsgruppen Hilfestellung bei der Darstellung ihrer Ergebnisse oder bei Veranstaltungen und Veröffentlichungen.

Auch am Ausbau des bestehenden Netzwerks des Senats und dem Kontakt zur ebenfalls neu geschaffenen Geschäftsstelle der Deutschen Allianz für Agrarforschung (DAFA) ist die Geschäftsstelle beteiligt. Der Kontakt zu weiteren Gremien und Zusammenschlüssen soll ebenfalls intensiviert werden. ■

Julius Kühn-Institut

Wo der Wurm die Nase rümpft

Bekämpfung schädlicher Fadenwürmer durch Senfpflanzen und Ölrettich

Senf und Rettich treiben uns beim Verzehr Tränen in die Augen. Verantwortlich dafür sind so genannte Senföl-Glykoside. Diese Pflanzenstoffe, die für stechenden Geruch und bitteren Geschmack zuständig sind, treiben auch schädliche Fadenwürmer (Nematoden) in die Flucht. Dass man Senf- und Ölrettichpflanzen nutzen kann, um mit Fadenwürmern befallene Felder zu sanieren, ist in den vergangenen drei Jahren unter Federführung des Julius Kühn-Instituts (JKI) in Münster untersucht worden. „Die so genannte Biofumigation ist ein junges Verfahren, das in Südeuropa, Australien und den USA bereits zur Bekämpfung pflanzenparasitärer Nematoden eingesetzt wird", berichtet Dr. Johannes Hallmann vom JKI. „Unser Ziel war herauszufinden, ob das Verfahren auch unter unseren Bedingungen möglich ist."

Bei der Biofumigation werden verschiedene Senf- oder Kohlarten mit hohen Glucosinolatgehalten als Zwischenfrucht auf den betroffenen Ackerflächen angebaut. Zur Blüte werden die Pflanzen zerkleinert und in den Boden eingearbeitet. Dort entstehen dann jene Stoffe, die die Nematoden abtöten.

Aber welche Pflanzen eignen sich am besten? Zu welchem Zeitpunkt soll man sie aussäen, wann zerkleinern? Welche Fadenwurm-Arten der lassen sich überhaupt damit bekämpfen? Diese Fragen mussten geklärt werden. Dazu hatten sich Wissenschaftler aus dem JKI, dem Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ) in Großbeeren sowie der P. H. Petersen Saatzucht GmbH zusammengefunden. Gemeinsam mit dem Ökoring Niedersachsen und Praxisbetrieben wurden die Untersuchungen durchgeführt. Die Ergebnisse interessieren ökologisch und konventionell wirtschaftende Betriebe gleichermaßen, denn gegen Nematoden sind keine Pflanzenschutzmittel zugelassen.

Schadbild des Nematoden M. hapla an Möhren

Zwei der wirtschaftlich bedeutendsten Fadenwürmer, der Wurzelgallennematode *Meloidogyne hapla* und der Wurzelläsionsnematode *Pratylenchus penetrans* starben im Labor bei Konzentrationen von 0,01 Mikromol Allylisothiocyanat (Abbauprodukt aus Sarepta-Senf). Diese Konzentration lassen sich auch auf dem Feld erzielen. Für eine gute Wirkung sind Bodentemperaturen um 20 °C und eine hohe Bodenfeuchte optimal. ■

Johann Heinrich von Thünen-Institut

Treibhausgasbilanzen berechnen

EU-Projekt mit mehr als 40 Partnern

Der überwiegende Teil der europäischen Landfläche wird land- und forstwirtschaftlich genutzt. Mit Blick auf den Klimawandel ist es daher von besonderem Interesse, wie viel Treibhausgase durch die Land- und Forstwirtschaft gebunden beziehungsweise in die Atmosphäre abgegeben werden. Eine der größten europäischen Forschungsanstrengungen zur Aufklärung dieser Mechanismen, das so genannte ‚GHG-Europe'-Projekt mit mehr als 40 Arbeitsgruppen, wird am Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI) in Braunschweig koordiniert.

Ehrgeiziges Ziel des Projekts ist es, die Treibhausgasbilanz Europas zu berechnen. Aufbauend auf den Messungen von über 100 kontinentalen Mess-Stationen, verteilt über alle Klimaregionen und Ökosysteme Europas, wird analysiert, welchen Beitrag die unterschiedlichen Landnutzungssysteme zu den Emissionen und Senken der drei wichtigsten Treibhausgase Kohlendioxid, Lachgas und Methan leisten. Die Wissenschaftler bringen Langzeitmessungen aus ganz Europa zusammen und initiieren Messungen in Regionen, die bisher kaum untersucht wurden. „Zum ersten Mal in Europa werden jetzt alle drei wichtigen Treibhausgase zusammen untersucht. Dies ist besonders wichtig, um die Rolle der Land- und Forstwirtschaft für den Klimaschutz zu verstehen", erläutert die Projektkoordinatorin Dr. Annette Freibauer vom Institut für Agrarrelevante Klimaforschung des vTI.

‚GHG-Europe' will eine Gesamtklimabilanz möglich machen, in dem nicht nur die Aufnahmeleistungen der Biosphäre berücksichtigt sind, sondern auch die durch Landnutzung und natürliche Quellen verursachten Treibhausgas-Emissionen. Das Projekt stellt damit sicher, dass Europa an vorderster Front der Klimaforschung bleibt. ■

Friedrich-Loeffler-Institut

Greifswald ehrt FLI-Präsidenten

Am 14. Mai dieses Jahres erhielt Prof. Dr. Dr. h.c. Thomas Mettenleiter, Präsident des Friedrich-Loeffler-Instituts und gleichzeitig Präsident des Senats der Bundesforschungsinstitute, die Rubenow-Medaille der Universitäts- und Hansestadt Greifswald. Der Greifswalder Oberbürgermeister Dr. Arthur König würdigte bei der Verleihung den Einsatz Mettenleiters für die Entwicklung des Friedrich-Loeffler-Instituts auf der Insel Riems und dessen derzeitigen Ausbau zu einem der modernsten Forschungszentren seiner Art weltweit. ■

IMPRESSUM

FORSCHUNGSREPORT
Ernährung – Landwirtschaft – Verbraucherschutz
1/2010 (Heft 41)

Herausgeber:
Senat der Bundesforschungsinstitute im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz

Schriftleitung & Redaktion:
Dr. Michael Welling
c/o Johann Heinrich von Thünen-Institut,
Bundesalle 50,
38116 Braunschweig
Tel.: 0531 / 596-1016
E-Mail:
michael.welling@vti.bund.de

Redaktionsbeirat:
Dr. Stefan Kühne,
JKI Kleinmachnow

Konzeption, Satz und Druck:
AgroConcept GmbH
Clemens-August-Str. 12–14
53115 Bonn
Tel.: 0228 / 969426-0

Internet-Adressen:
www.forschungsreport.de
www.bmelv-forschung.de

Bildnachweis:
Sofern nicht anders bei den Bildern angegeben, liegen die Rechte bei den Autoren, den Forschungseinrichtungen oder bei AgroConcept.

Erscheinungsweise:
Zweimal jährlich

Nachdruck, auch auszugsweise, mit Quellenangabe zulässig (Belegexemplar erbeten)

Möchten Sie den Forschungs-Report kostenlos abonnieren? Dann wenden Sie sich einfach an die Redaktion.

ISSN 1863-771X

Druck auf Papier mit Recyclinganteil

Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz

Das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) unterhält einen Forschungsbereich, der wissenschaftliche Grundlagen als Entscheidungshilfen für die Ernährungs-, Landwirtschafts- und Verbraucherschutzpolitik der Bundesregierung erarbeitet und damit zugleich die Erkenntnisse auf diesen Gebieten zum Nutzen des Gemeinwohls erweitert (www.bmelv.de, Rochusstr. 1, 53123 Bonn, Tel.: 0228/529-0). Dieser Forschungsbereich wird von vier Bundesforschungsinstituten sowie dem Bundesinstitut für Risikobewertung gebildet und hat folgende Aufgaben:

Julius Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen:
Selbständige Bundesoberbehörde und Bundesforschungsinstitut mit im Pflanzenschutzgesetz, Gentechnikgesetz, Chemikaliengesetz und hierzu erlassenen Rechtsverordnungen festgelegten Aufgaben. Beratung der Bundesregierung und Forschung in den Bereichen Pflanzengenetik, Pflanzenbau, Pflanzenernährung und Bodenkunde sowie Pflanzenschutz und Pflanzengesundheit. Die Forschung umfasst die Kulturpflanze in ihrer Gesamtheit und schließt die Entwicklung ganzheitlicher Konzepte für den Pflanzenbau, die Pflanzenproduktion bis hin zur Pflanzenpflege ein. Zu den gesetzlichen Aufgaben zählen u. a.: Mitwirkung bei der Zulassung von Pflanzenschutzmitteln und Biozidprodukten, Prüfung von Pflanzenschutzgeräten, Beteiligung bei pflanzengesundheitlichen Regelungen für Deutschland und die EU, Mitwirkung bei der Genehmigung zur Freisetzung und zum Inverkehrbringen gentechnisch veränderter Organismen (Erwin-Baur-Straße 27, 06484 Quedlinburg, Tel.: 03946/47-0, www.jki.bund.de).

Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI), Bundesforschungsinstitut für Ländliche Räume, Wald und Fischerei:
Selbstständige Bundesoberbehörde und Bundesforschungsinstitut. Die Forschungsarbeiten haben das Ziel, für die Land-, Forst- und Holzwirtschaft sowie die Fischerei Konzepte einer nachhaltigen und wettbewerbsfähigen Land- bzw. Ressourcennutzung zu entwickeln. Erarbeitung wissenschaftlicher Grundlagen als politische Entscheidungshilfen, insbesondere auf den Gebieten Ländliche Räume, Wald und Fischerei. Wahrnehmung deutscher Verpflichtungen und Interessen in internationalen Meeresnutzungs- und -schutzabkommen, Koordination und Beteiligung bei Monitoringaufgaben zum Zustand der Wälder, Aufgaben im Rahmen des Strahlenschutzvorsorgegesetzes und des Bundeswasserstraßengesetzes (Bundesallee 50, 38116 Braunschweig, Tel.: 0531/596-0, www.vti.bund.de).

Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit:
Selbstständige Bundesoberbehörde und Bundesforschungsinstitut mit im Tierseuchengesetz und Gentechnikgesetz festgelegten Aufgaben. Forschung und Beratung des BMELV insbesondere auf den Gebieten der Tiergesundheit, der Tierernährung, der Tierhaltung, des Tierschutzes und der tiergenetischen Ressourcen (Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, Tel.: 038351/7-0, www.fli.bund.de).

Max Rubner-Institut (MRI), Bundesforschungsinstitut für Ernährung und Lebensmittel:
Selbstständige Bundesoberbehörde und Bundesforschungsinstitut. Im Rahmen des vorbeugenden gesundheitlichen Verbraucherschutzes Erarbeitung wissenschaftlicher Grundlagen einer gesunden und gesunderhaltenden Ernährung mit hygienisch einwandfreien und qualitativ hochwertigen Lebensmitteln pflanzlichen und tierischen Ursprungs sowie Untersuchung der Bestimmungsgründe des Ernährungsverhaltens und Durchführung des Nationalen Ernährungsmonitoring (NEMONIT). Aufgaben im Rahmen des Agrarstatistikgesetzes und des Strahlenschutzvorsorgegesetzes (Haid-und-Neu-Str. 9, 76131 Karlsruhe, Tel.: 0721/6625-0, www.mri.bund.de).

Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR):
Eine bundesunmittelbare rechtsfähige Anstalt des öffentlichen Rechts, deren Hauptaufgaben in der Bewertung bestehender und dem Aufspüren neuer gesundheitlicher Risiken, der Erarbeitung von Empfehlungen für die Risikobegrenzung und der Kommunikation über alle Schritte der Risikoanalyse liegen. Forschung wird auf diesen Feldern auch im Bereich der Risikokommunikation durchgeführt. Schwerpunkte sind dabei biologische und chemische Risiken in Lebens- und Futtermitteln sowie Risiken, die durch Stoffe und Produkte hervorgerufen werden können. Daneben werden Ersatzmethoden für Tierversuche für den Einsatz in der Toxikologie entwickelt (Thielallee 88–92, 14195 Berlin, Tel.: 01888/412-0, www.bfr.bund.de).

Einrichtungsübergreifende wissenschaftliche Aktivitäten des BMELV-Forschungsbereiches werden durch den **Senat der Bundesforschungsinstitute** koordiniert, dem Vertreter aller Forschungseinrichtungen angehören. Der Senat wird von einem Präsidium geleitet, das die Geschäfte des Senats führt und den Forschungsbereich gegenüber anderen wissenschaftlichen Institutionen und dem BMELV vertritt (Geschäftsstelle des Senats, c/o JKI, Königin-Luise-Straße 19, 14195 Berlin, Tel.: 030/8304-2031, -2605, www.bmelv-forschung.de).

Forschungseinrichtungen der Leibniz-Gemeinschaft (WGL)
Darüber hinaus sind sechs Forschungseinrichtungen der Wissenschaftsgemeinschaft G. W. Leibniz (WGL) dem Geschäftsbereich des BMELV zugeordnet:
Deutsche Forschungsanstalt für Lebensmittelchemie (DFA) (Lichtenbergstr. 4, 85748 Garching, Tel.: 089/28914170, www.dfal.de);
Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim e.V. (ATB), (Max-Eyth-Allee 100, 14469 Potsdam-Bornim, Tel.: 0331/5699-0, www.atb-potsdam.de);
Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e. V. (IGZ) (Theodor-Echtermeyer-Weg 1, 14979 Großbeeren, Tel.: 033701/78-0, www.igzev.de);
Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e.V. (Eberswalder Straße 84, 15374 Müncheberg, Tel.: 033432/82-0, www.zalf.de);
Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN) (Wilhelm-Stahl-Allee 2, 18196 Dummerstorf, Tel.: 038208/68-5, www.fbn-dummerstorf.de);
Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Mittel- und Osteuropa (IAMO) (Theodor-Lieser-Str. 2, 06120 Halle/S., Tel.: 0345/2928-0, www.iamo.de).

Zuwendungsempfänger:
Deutsches BiomasseForschungsZentrum (DBFZ) (Torgauer Str. 116, 04347 Leipzig, Tel.: 0341/2434-112, www.dbfz.de)

Senat der Bundesforschungsinstitute im Geschäftsbereich
des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz