

## Beiträge zur Charakterisierung der genetischen Variabilität in Petersilie (*Petroselinum crispum*)

Struckmeyer<sup>1</sup>, T., Budahn, H.<sup>1</sup>, Ulrich, D.<sup>2</sup>, Lohwasser, U.<sup>3</sup>, Krüger, H.<sup>2</sup>, Hoberg, E.<sup>2</sup>, Schrader, O.<sup>1</sup>, Börner, A.<sup>3</sup> und Marthe, F.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Züchtungsforschung an Gartenbaulichen Kulturen und Obst (ZGO) und

<sup>2</sup>Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz des Julius Kühn-Institutes, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI),  
Erwin-Baur-Straße 27, D-06484 Quedlinburg,

<sup>3</sup>Deutsche Genbank, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Corrensstraße 3, D-06466 Gatersleben

Die alte Kulturpflanze Petersilie (*Petroselinum crispum* (Mill.) Nym., Fam. *Umbelliferae*) wurde bis ins 16. Jh. überwiegend als Heilpflanze genutzt, wobei neben anderen Indikationen die diuretische Wirkung im Vordergrund stand. Gegenwärtig ist Petersilie die bedeutendste Gewürzpflanze im deutschen Anbau mit ca. 1700 ha. Auch als Gemüse kommt der Wurzelpetersilie eine gewisse Bedeutung zu. Petersilie wird weltweit in der gemäßigten und der subtropischen Klimazone angebaut.

Die ätherischen Öle, vorwiegend das ätherische Samenöl werden in der Nahrungsmittelindustrie und als Duftstoff in der Parfumherstellung genutzt. Die Zusammensetzung der flüchtigen Inhaltsstoffe von frisch geernteter Petersilie und auch der ätherischen Öle wurden in der Vergangenheit eingehend untersucht. Im Gegensatz dazu ist die Vielfalt der flüchtigen Stoffwechselprodukte verschiedener Sorten und Herkünfte weitestgehend ungeklärt.

Taxonomisch werden die Convarietäten *crispum* und *radicosum* unterschieden. Letztere schließt alle Formen mit einer verdickten, rübenförmigen, nicht verholzten, schmackhaften Wurzel ein. Glattblättrige Wurzelpetersilien werden der Varietät *tuberosum* und krausblättrige Typen der Varietät *erfurtense* zugeordnet. Innerhalb der Convarietät *crispum* mit glatten Laubblättern werden abgetrennt die Wildform mit verholzten Blattstielen und -rippen als Varietät *silvestre*, Typen ohne Verholzung mit stark verlängerten Blattstielen als Varietät *neapolitanicum* sowie Typen ohne Verholzung und nicht verlängerten Blattstielen als Varietät *vulgare*. Formen innerhalb der Convarietät *crispum* mit krausen Blättern werden zur Varietät *crispum* zusammengefasst (verändert nach Danert S. Zur Gliederung von *Petroselinum crispum* (Mill.) Nym. Kulturpflanze 1959;7:73-81).

An zwei Standorten (IPK, Gatersleben und IGK der BAZ, Quedlinburg) wurden jeweils 220 Prüfglieder angebaut. Bei diesen 220 Prüfgliedern handelt es sich um das komplette Sortiment der Deutschen Genbank im Institut für Pflanzengenetik und Kul-

turpflanzenforschung in Gatersleben mit 201 Akzessionen sowie 19 Muster des Institutes für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst in Quedlinburg. An beiden Standorten wurden neben agronomischen Daten morphologische Merkmale des Blattes und der Wurzel sowie in der kommenden Vegetationsperiode auch der Blüte umfangreich erfasst. Inhaltsstoff- und Aromauntersuchungen erfassen die qualitativen und quantitativen Unterschiede der ätherischen Öle sowie anderer flüchtiger Substanzen. Die sensorische Bewertung möglichst aller Prüfglieder erfolgt ebenso, wie die zytologische Charakterisierung des Ploidiegrades ausgewählter Prüfglieder. Es wurden alle auftretenden Phytopathogene diagnostiziert und die Befallsstärke jeweils bonitiert. Es gab einen ungewöhnlich starken Befall von fälschem Mehltau (*Plasmopara crustosa*), der zu deutlichen Unterschieden in den Befallsstärken der Prüfglieder führt. Auch durch die Erreger der *Septoria*- und der *Alternaria*-Blattflecken (*Septoria petroselini* und *Alternaria radicina*) wurde jeweils ein deutlicher Befall ausgelöst, der ebenso, wie der starke Befall durch echten Mehltau (*Erysiphe heraclei*) bonitiert werden konnte. Hierbei erwachsen jedoch bedingt durch die Mischinfektionen Schwierigkeiten in der Diagnose. Mittels molekularer Marker (RAPD, dpRAPD, AFLP) wurde die intraspezifische Variabilität bestimmt. Das vorläufige Ergebnis zeigt eine Teilung der 219 analysierten Herkünfte in zwei Hauptgruppen (132 und 87 Herkünfte) mit einer euklidischen Distanz von ca. 0,8. Alle Herkünfte der *convar. radicosum* befinden sich in der kleineren Gruppe und alle der *var. crispum* mit einer Ausnahme gruppieren sich in der größeren Gruppe. Über beide Gruppen sind die Herkünfte der *var. vulgare* und *var. neapolitanicum* verteilt.

Die Strukturen der flüchtigen Inhaltsstoffe wurden von einem schnellen, nicht zielgerichteten Analysenansatz in homogener Blattmasse bestimmt. Hierzu wurde eine automatisierte „headspace solid phase microextraction“ (HS-SPME), Gas-Chromatografie (FID oder MS Detektor) und eine Datenverarbeitung mittels Mustererkennung durchgeführt. Mit dieser Methode war der gesamte Bereich aller Peaks einer Chromatogramm-Menge über einem Schellenwert detektierbar. Erste Ergebnisse zeigen, dass die untersuchten Petersilienherkünfte sich ebenfalls auf zwei unterschiedliche Chemotypgruppen verteilen. Die zwei Gruppen unterscheiden sich hauptsächlich bezüglich der jeweiligen Gehalte von  $\beta$ -Myrcen sowie Minor Komponenten wie p-Cymen, Allocimen und  $\alpha$ -Terpinen.

Die Gruppierungen auf der Basis molekularer Marker bzw. des ungerichteten Ansatzes zur Erfassung flüchtiger Inhaltsstoffe sind nahezu deckungsgleich. Lediglich ca. 15 Herkünfte sind der jeweils anderen Gruppe zugeordnet.

Diese Ergebnisse stellen jeweils eine erstmalige Beschreibung der Variabilität der Petersilie mit Hilfe molekularer Marker bzw. HS-SPME dar. Die Verbindung beider Ansätze stellt versuchsmethodisch eine weit über die beschriebene Art hinausweisende Entwicklung dar, deren Erkenntnispotential Beiträge zur Stoffwechselsteuerung ebenso wie zur Phylogenese erwarten lässt. Neben diesen methodischen Entwicklungen wird nach Auswertung aller Ergebnisse dieses umfangreichen Vergleichsanbaues ein gut evaluiertes Sortiment zur Verfügung stehen, das neben praktischen Nutzungsaspekten die Grundlage für eine Revision des bisher genutzten taxonomischen Systems von Danert bildet.