

Charakterisierung der genetischen Variabilität bei Petersilie (*Petroselinum crispum*)

H. Budahn, D. Ulrich*, U. Lohwasser**, T. Struckmeyer, H. Krüger**, A. Bömer**
& F. Marthe

Einleitung

Die alte Kulturpflanze Petersilie (*Petroselinum crispum* (Mill.) Nym.) aus der Familie der Umbelliferae ist in Deutschland mit 1700 ha Anbaufläche die bedeutendste Gewürzpflanze. Taxonomisch werden die Convarietäten *crispum* und *radicosum* unterschieden. Letztere schließt alle Formen mit einer verdickten, rübenförmigen, nicht verholzten und schmackhaften Wurzel ein. Zur Convarietät *crispum* gehören neben der Wildform *silvestre* (glatte Blätter, verholzte Blattstiele und -rippen) die Varietäten *neapo/itanum* (glatte Blätter, stark verlängerte Blattstiele), *vulgare* (glatte Blätter, nicht verholzte und nicht verlängerte Blattstiele) sowie *crispum* (krause Blätter). Diese Einteilung (Danert 1957) sollte mit Hilfe molekularer Marker einer kritischen Überprüfung unterzogen und mit den Resultaten von Inhaltsstoffanalysen verglichen werden. Material und Methoden An zwei Standorten (IPK, Gatersleben und ZGO, Quedlinburg) wurden jeweils 220 Prüfglieder angebaut. Hierbei handelt es sich um das komplette Sortiment der Deutschen Genbank im IPK in Gatersleben mit 201 Akzessionen sowie 19 Muster des ZGO in Quedlinburg. An beiden Standorten wurden neben morphologischen Merkmalen des Blattes und der Wurzel auch agronomische Daten erhoben. Aus Mischproben der einzelnen Populationen wurde nach Porebski et al. (1997) Gesamt-DNA isoliert. Die RAPD-Analyse folgte der Methode von Williams et al. (1990), die dpRAPD-Analyse dem Protokoll von Budahn et al. (2008) und die SRAP-Analyse jenem von Li und Quiros (2001). Die Auftrennung der amplifizierten Fragmente erfolgte nicht auf Agarose- sondern auf denaturierenden Polyacrylamidgelen in einer Sequigene GT, 38 x 50 cm Apparatur (BIO-RAD) mit anschließender Silberfärbung (Bassam et al. 1991). Die AFLP-Amplifikationen erfolgten nach Vos et al. (1997) und die Auftrennung und Detektion mittels Licor 4300S. Nur eindeutige und starke Banden wurden als 10 Matrix erfasst. Mittels NTSYSpc (Exeter Software) wurde eine Distanzanalyse im UPGMA-Modus durchgeführt. Die flüchtigen Inhaltsstoffe wurden nach Homogenisierung mittels "headspace solid phase microextraction" (HS-SPME) an eine Glasfaser gebunden und nach Elution mittels Gas-Chromatographie analysiert. Das komplette Bandenmuster wurde in einem ungerichteten Ansatz einer Principle Component Analysis (PCA) unterworfen.

Material und Methoden

An zwei Standorten (IPK, Gatersleben und ZGO, Quedlinburg) wurden jeweils 220 Prüfglieder angebaut. Hierbei handelt es sich um das komplette Sortiment der Deutschen Genbank im IPK in Gatersleben mit 201 Akzessionen sowie 19 Muster des ZGO in Quedlinburg. An beiden Standorten wurden neben morphologischen Merkmalen des Blattes und der Wurzel auch agronomische Daten erhoben. Aus Mischproben der einzelnen Populationen wurde nach Porebski et al. (1997) Gesamt-DNA isoliert. Die RAPD-Analyse folgte der Methode von Williams et al.

Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst (ZGO) und
• Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz des Julius Kühn-Institutes (JKI),
Bundesinstitut für Kulturpflanzen, Erwin-Baur-Straße 27, D-06484 Quedlinburg,
** Deutsche Genbank, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK),
Corrensstraße 3, D-06466 Gatersleben

(1990), die dpRAPD-Analyse dem Protokoll von Budahn et al. (2008) und die SRAP-Analyse jenem von Li und Quiros (2001). Die Auftrennung der amplifizierten Fragmente erfolgte nicht auf Agarose- sondern auf denaturierenden Polyacrylamidgelen in einer Sequigene GT, 38 x 50 cm Apparatur (BIO-RAD) mit anschließender Silberfärbung (Bassam et al 1991). Die AFLP-Amplifikationen erfolgten nach Vos et al. (1997) und die Auftrennung und Detektion mittels Licor 4300S. Nur eindeutige und starke Banden wurden als 10 Matrix erfasst. Mittels NTSYSpc (Exeter Software) wurde eine Distanzanalyse im UPGMA-Modus durchgeführt. Die flüchtigen Inhaltsstoffe wurden nach Homogenisierung mittels "headspace solid phase microextraction" (HS-SPME) an eine Glasfaser gebunden und nach Elution mittels Gas-Chromatographie analysiert. Das komplette Bandenmuster wurde in einem ungerichteten Ansatz einer Principle Component Analysis (PCA) unterworfen.

Ergebnisse und Diskussion

Nach Auswertung von 206 molekularen Markern (22 RAPD-, 66 dpRAPD-, 53 SRAP- und 65 AFLP-Banden) wurde eine Distanzanalyse durchgeführt. Diese zeigte eine Teilung der 219 analysierten Herkünfte in zwei deutlich voneinander abgesetzte Hauptgruppen (132 und 87 Herkünfte). Alle Wurzelpetersilien finden sich in der kleineren Gruppe wieder und alle Genotypen mit krausem Blatt (mit einer Ausnahme) in der größeren Gruppe. Die Genotypen der Varietäten *vu/gare* und *neapolitanicum* sind über beide Gruppen verteilt. (Tabelle 1).

Tab. 1: Verteilung von 219 Petersilienpopulationen zwischen vier Varietäten und zwei auf Basis molekularer Marker gebildeten Hauptgruppen

	<i>var. crispum</i>	<i>var. radicosum</i>	<i>var. vulgare</i>	<i>var. neapolitanum</i>	Gesamt
Hauptgruppe1	16	0	68	48	132
Hauptgruppe2	1	25	49	12	87

Eine Clustering von Herkünften eines Landes oder einer Region deutet sich in einigen Fällen an. Die nichtzielgerichtete Analyse der flüchtigen Inhaltsstoffe ergab gleichfalls zwei Cluster, die nahezu vollständig mit der molekularen Einteilung übereinstimmen (Tabelle. 2).

Tab. 2: Verteilung von 219 Petersilienpopulationen zwischen zwei Chemotypen und zwei auf Basis molekularer Marker gebildeten Hauptgruppen

	Chemotyp 1	Chemotyp 2	Kein Ergebnis	Gesamt
Hauptgruppe 1	127	5	0	132
Hauptgruppe 2	7	78	2	87

Durch Destillation und Quantifizierung der einzelnen ätherischen Öle soll ermittelt werde, welche Einzelsubstanzen den größten diskriminierenden Effekt zwischen den Gruppen haben. Die Resultate von gegenwärtig laufenden Untersuchungen zu Resistenz und Geschmack sollen mit diesen Datensätzen korreliert werden.

Literatur

- Bassam, B.J.; Caetano-Anolles, G.; Gresshoff, P.M. (1991) Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. *Anal Biochem* 19 (1): 80-83
- Budahn, H.; Schrader, O.; Peterka, H. (2008) Development of a complete set of disomic rape-radish chromosome-addition lines. *Euphytica* 162: 117-128
- Danert, S. (1959) Zur Gliederung von *Petroselinum crispum* (Mill.) Nym. *Kulturpflanze* 7: 73-81