

Untersuchung von Marillensorten der Genbank Haschhof mittels SSR Marker



Impressum

Medieninhaber und Herausgeber:

HBLA und Bundesamt Klosterneuburg

Wein- und Obstbau

Wiener Straße 74, 3400 Klosterneuburg

weinobstklosterneuburg.at

Karin Silhavy-Richter

karin.silhavy@weinobst.at

Klosterneuburg, 2023. Stand: 27. März 2023

Copyright und Haftung:

Auszugsweiser Abdruck ist nur mit Quellenangabe gestattet, alle sonstigen Rechte sind ohne schriftliche Zustimmung des Medieninhabers unzulässig.

Es wird darauf verwiesen, dass alle Angaben in dieser Publikation trotz sorgfältiger Bearbeitung ohne Gewähr erfolgen und eine Haftung der HBLA und des Bundesamtes Klosterneuburg und der Autorin/des Autors ausgeschlossen ist. Rechtausführungen stellen die unverbindliche Meinung der Autorin/des Autors dar und können der Rechtsprechung der unabhängigen Gerichte keinesfalls vorgreifen.

Inhalt

Zusammenfassung	4
Summary	5
Einleitung	6
Material und Methoden	8
Ergebnisse und Diskussion	14
Schlussfolgerung und Ausblick.....	19
Tabellenverzeichnis.....	20
Abbildungsverzeichnis.....	21
Literaturverzeichnis	22
Abkürzungen.....	24

Zusammenfassung

Das folgende Projekt wurde durchgeführt um einerseits die Marillenbäume der Genbank Haschhof genetisch zu charakterisieren und andererseits eine Datenbank mit genetischen Profilen von Marillen zur sortenechten Erhaltung aufzubauen. Zu diesem Zweck wurden zusätzlich zu den alten Sorten in der Genbank auch moderne Züchtungen aus anderen Quartieren analysiert.

Die Verwendung von genetischen Markern (Mikrosatelliten) ist eine sehr gut etablierte Methode zur Erstellung genetischer Fingerprints von Obstsorten. In dieser Untersuchung wurden 12 verschiedene Mikrosatelliten verwendet, um eine gute Auflösung zu erhalten und die genetischen Profile mit internationalen Datenbanken abgleichen zu können.

Es zeigte sich, dass es bei manchen Gruppen sehr schwierig ist eine Differenzierung mittels Mikrosatelliten-Analyse zu erzielen. Auch die Testung mit insgesamt 28 weiteren Markern brachte keine bessere Auflösung. Um diese Sorten unterscheiden zu können, müssten zusätzlich pomologische Bestimmungen durchgeführt bzw. die Verwendung von anderen molekularen Methoden versucht werden.

Summary

The following project was done in order to genetically characterize the apricot trees of the Haschhof gene bank on the one hand and to build up a database with genetic profiles of apricots for varietal preservation on the other hand. For this purpose, modern breeds from other orchards were analyzed in addition to the old varieties in the gene bank.

The use of genetic markers (microsatellites) is a very well established method for creating genetic fingerprints of fruit varieties. In this study, twelve different microsatellites were used to obtain good resolution and to be able to compare the genetic profiles with international databases.

It turned out that in some groups it is very difficult to differentiate by using microsatellite analysis. Testing with a total of twenty-eight other markers did not produce a better resolution either. In order to be able to distinguish these varieties, additional pomological determinations would have to be carried out or the use of other molecular methods would have to be tried.

Einleitung

Marillen werden seit Jahrhunderten in Österreich angebaut und sind eine wichtige Frucht sowohl am Frischmarkt als auch in der Verarbeitung (Löschnig & Passecker, 1954; Regner et al., 2003). Der Großteil der österreichischen Marillen (zwischen 60 und 80% je nach Ertragsjahr) stammen aus Niederösterreich gefolgt von Oberösterreich, dem Burgenland und der Steiermark (Statistik Austria, 2023). In der Wachau ist die Marille eine wichtige Einnahmequelle sowohl in der Vermarktung der Frucht und ihrer Produkte „Wachauer Marille g.U.“ als auch im Tourismus mit den beiden mehrwöchigen Veranstaltungen „Alles Marille“ (Krems) ([Alles Marille - Veranstaltungen \(krems.info\)](http://www.allesmarille.at)) und „Spitzer Marillensommer“ (www.marillensommer.at). Besonders die klassischen Sorten wie Klosterneuburger Marille (ein Klon der Ungarischen Besten), Kremser Rosenmarille oder Wachauer Marille, aber auch moderne Sorten wie die Orangered, Bergeron ... erfreuen sich großer Beliebtheit (Wurm et al. 2020). Um die traditionellen Sorten weiterhin sortenrichtig erhalten zu können, ist die Mikrosatelliten-Analyse ein wichtiges Hilfsmittel.

Die Mikrosatelliten-Analyse umfasst die Identifizierung und Analyse spezifischer DNA-Regionen, die kurze, sich wiederholende Nukleotid-Sequenzen enthalten. Diese sich wiederholenden Sequenzen von 2- 7 Basenpaaren, sogenannte Mikrosatelliten oder SSRs (Simple-Sequence-Repeats), sind sehr variabel in ihrer Wiederholungszahl und werden daher gerne als genetische Marker zur Sortenunterscheidung verwendet. Es ist üblich auf eine größere Zahl (mind. 6) von Markern (unterschiedliche Mikrosatelliten) zurückzugreifen, um mehrere Genorte (Loci) vergleichen zu können, da bei unterschiedlichen Organismen an einem Locus die gleiche Genvariante (Allel) vorhanden sein kann (Guilford, et al., 1997; Guilford, et al., 1997). Durch den Vergleich der Größe und Anzahl der Allele kann die genetische Ähnlichkeit oder Vielfalt zwischen den Sorten bestimmt werden. Diese Informationen wiederum können verwendet werden, um einzigartige Sorten zu identifizieren, den genetischen Ursprung und die Beziehungen zwischen verschiedenen Sorten zu verfolgen oder neue Sorten mit wünschenswerten Eigenschaften zu entwickeln, indem Eltern mit komplementären genetischen Hintergründen ausgewählt werden (Sánchez-Pérez et al., 2005).

In diesem Projekt wurden Marillenbäume vom Versuchsgut Haschhof genetisch untersucht. Es handelt sich bei der Genbank um eine Anlage mit Hohlkronenerziehung gepflanzt 2013, beim Sortimentsquartier 081 (Pflanzjahr 2015 bis 2017) sowie beim Bio-

Marillenversuchsquartier 083 (Pflanzjahr 2018) um eine formlose Hecke (Maschinenschnitt) und bei Quartier 141 (Pflanzjahr 2010) um Rundkronenerziehung. Das Ziel dieser Arbeit war durch den Abgleich der erhaltenen genetischen Profile, eventuelle Fehler im Pflanzplan zu finden und eine Datenbank aufzubauen um auch in den nächsten Jahren eine sortenechte Erhaltung zu gewährleisten. Insgesamt wurden 154 Bäume genetisch charakterisiert.

Material und Methoden

Die Blätter der analysierten Marillensorten stammen aus den Quartieren 122, 081, 083 und 141. Insgesamt wurden 154 Bäume analysiert, dabei handelt es sich um 36 alte und 44 moderne Sorten (Tab.1).

Tabelle 1: Auflistung der Sorten und ihrer ursprünglichen Herkunft

Sorte	Herkunft	Züchter (Lizenzhalter)
Anegat	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Apribang	Frankreich	A. und L. Maillard (Agro Selection Fruits)
Aprinew	Frankreich	A. und L. Maillard (Agro Selection Fruits)
Apriqueen	Frankreich	A. und L. Maillard (Agro Selection Fruits)
Aprisweet	Frankreich	A. und L. Maillard (Agro Selection Fruits)
Bangat	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Bergarouge	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Bergeron	Frankreich	
Bergeval	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Compacta	USA	New Jersey Agricultural Experimental Station
Congat	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Delice Cot	Frankreich	Marie-Laure ETEVE (COT International)
Digat	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Elgat	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Farbaly	Frankreich	Marie-France BOIS (International Plant Selection)
Farbela	Frankreich	Marie-France BOIS (International Plant Selection)
Farbuz	unbekannt	

Farely	Frankreich	Marie-France BOIS (International Plant Selection)
Feria Cot	Frankreich	COT International
Frisson	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Gilgat	Frankreich	INRAE/CEP Innovation (CEP Innovation)
Goldrich	USA	USDA ARS (COT International)
Hargrand	Kanada	Lapins und Bailey
Iziagat	Frankreich	INRAE/CEP Innovation (CEP Innovation)
Jengat	Frankreich	INRAE/CEP Innovation (CEP Innovation)
Kioto	Frankreich	Escande
Koolgat	Frankreich	INRAE/SICA CENTREX (CEP innovation)
Mediabel	Frankreich	Marie-France BOIS (International Plant Selection)
Mediva	Frankreich	Marie-France BOIS (International Plant Selection)
Mistral	unbekannt	
Monster Cot	USA (Kalifornien)	SMS Unlimited (COT International)
Orangered (Bhart)	USA (New Jersey)	Dr. Leon F. Hough
Origat	Frankreich	INRAE/CEP Innovation (CEP Innovation)
Pinkcot	Frankreich	Escande
Playa Cot	Frankreich	COT International
Pricia	Frankreich	Marie-France BOIS (International Plant Selection)
Primidi	Frankreich	Newcot S.A.S. (International Plant Selection)
Samourai	Frankreich	Escande
Shamade	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Stark Earli-Orange 40	USA	Stark Brothers

Stark Earli-Orange 41	USA	Stark Brothers
Tsunami	Frankreich	Escande
Valete	unbekannt	
Vertige	Frankreich	INRAE (CEP Innovation)
Alessandrinische Marille	Italien	
Alte Ananas Marille	Österreich	
Bisamberger Knödelmarille	Österreich	
Braunauer große Frühmarille	Österreich	
Breda-Marille	Niederlande	
Feldsberger Marille	Tschechien	
Frühe Kecskemeter Marille (Koranyi Barack)	Ungarn	
Frühe Kremser Rosenmarille (Koranyi rosa Barack)	Ungarn	
Frühe Ungarische Gelbe	Ungarn	
Frühe von Göttweig	Österreich	
Frühe von Hinterholzer	Österreich	
Frühe von Kittsee	Österreich	
Frühzeitige Marille	vm. Frankreich	
Große Ananas Marille	Österreich	
Große gemeine Marille	unbekannt	
Holländische Marille	Niederlande	
Holubs Marille	Tschechien	

Honigmarille	unbekannt
Kleine Ananas Marille	unbekannt
Kleine rote Frühmarille	Frankreich
Klosterneuburger Marille	Österreich
Königsmarille (Royal)	vm. Ungarn
Kremser Marille	Österreich
Langenloiser Marille	Österreich
Löschnig-Marille (Schafbergmarille)	Österreich
Luizets Marille	Frankreich
Mariazeller Marille	Österreich
Nancy-Marille	Frankreich
Pawlowitzer Marille	Tschechien
Pfirsichmarille	unbekannt
Rotmaler Marille	Tschechien
Schöllschitzer Marille	Tschechien
Ungarische Beste	Ungarn
Wachauer Marille	Österreich
Wahre Ananas Marille	unbekannt
Wahre Große Frühmarille	Ungarn

Für die Erstellung der genetischen Profile wurden die gesammelten Blattproben in die Schweiz an die Firma Ecogenics geschickt. Dort erfolgte die DNA-Reinigung mittels "Hot shot" Methode. Dabei wird eine Blattstanze 15 min bei 95°C in einem Puffer (0.1 M NaOH, 2% Tween20) erhitzt, danach mit einem weiteren Puffer (0.1 M HCl, 0.1 M Tris-HCl pH8.0, 0.05 M EDTA) neutralisiert und noch einer PCR Inhibitor Entfernung (OneStep PCR

inhibitor removal Kit, Fa.Zymogen) unterzogen. Die erhaltenen Extrakte wurde 1:50 mit 10 mmol Tris-HCl pH 8, für die Verwendung in der PCR, verdünnt und bei -20°C eingelagert.

Für die Amplifikation der Mikrosatelliten-Regionen mittels PCR wurden 12 verschiedene Primerpaare verwendet (Tab.2) Die forward Primer (Fa. Microsynth AG, CH) waren am 5´Ende mit vier verschiedenen Fluoreszenz-Farbstoffen (Yakima Yellow, Atto565, FAM und Atto550) markiert um eine Multiplex-PCR und die anschließende Detektion am Kapillarelektrophorese-Gerät zu ermöglichen. Das verwendete Temperaturprogramm lautete: 95°C/10 min – (94°C/30s – 55°C/90s – 72°C/1 min) x 40 – 72°C/30min. Für die Multiplex-PCR wurde der HOT FIREPol MultPlex Mix (Fa. Solis BioDyne) verwendet. Die Fragmentlängen-Analyse wurde am Kapillarsequenzierer ABI 3730XL (Fa. Applied Biosystems) durchgeführt. (Microsynth Ecogenics Fact Sheet 2020)

Tabelle 2: Liste der Mikrosatelliten Marker

Marker		Primer Sequenz (5´ - 3´)	Species	Referenz
UDAp404	fw	CAT GAA CAG GGT CAA AAG CA	Marille	Messina et al (2004)
	rev	TAT ATC CTT ACG CGG CCT CA		
PaCITA16	fw	TGA CGT CTC TCT CCC TCC CCT TCC T	Marille	Lopes et al. (2002)
	rev	CCC TCT CTT TTT CTC TAG CCC CAC C		
PaCITA7	fw	CTT TTG TGC CTC AGC TTC CCA ACA C	Marille	Lopes et al. (2002)
	rev	CCT GGC CTG ACC CTA AGC AAT TCG		
PaCITA5	fw	GTT GTG TTT ACT TTT TTC TTA ACG G	Marille	Lopes et al. (2002)
	rev	GTA TCA CAA GTG AGA ACA TAA GAG G		
MA040a	fw	AGA AAT TGG AGT GAC GTA AC	Pfirsich	Yamamoto et al. (2002)
	rev	ACG TGA TGA GAA GTA GGG AG		
MA027a	fw	GGG CAG TGA AGA ATC TAT GA	Pfirsich	Yamamoto et al. (2002)
	rev	GAT AGC ATA AAC CCC GTG AA		
UDAp419	fw	TTC TTT TGG GAT TGG TCT CG	Marille	Messina et al. (2004)
	rev	GAT TTT TAA ATA ACC AAC CAG CTT C		

UDAp413	fw	CCA GGA CCC AAA CCC TAA AA	Marille	Messina et al. (2004)
	rev	TGC AAA CAC AAC ACC TAC CTA CA		
BPPCT004	fw	CTG AGT GAT CCA TTT GCA GG	Pfirsich	Dirlewanger et al. (2002)
	rev	AGG GCA TCT AGA CCT CAT TGT T		
UDP97-402	fw	TCC CAT AAC CAA AAA AAA CAC C	Pfirsich	Cipriani et al. (1999)
	rev	TGG AGA AGG GTG GGT ACT TG		
CPPCT030	fw	TGA ATA TTG TTC CTC AAT TC	Pfirsich	Aranzana et al. (2002)
	rev	CTC TAG GCA AGA GAT GAG A		
UDP98-412	fw	AGG GAA AGT TTC TGC TGC AC	Pfirsich	Testolin et al. (2000)
	rev	GCT GAA GAC GAC GAT GAT GA		

Die genetischen Daten wurden von Ecogenics mit dort gespeicherten Profilen abgeglichen und diese Ergebnisse sowie die Rohdaten kamen zur Auswertung.

Ergebnisse und Diskussion

Um die Marillensorten der Genbank Haschhof genetisch zu charakterisieren wurden 12 Mikrosatelliten-Marker verwendet. Es wurden einerseits die von Ecogenics etablierten acht verwendet sowie vier zusätzliche hinzugefügt um ein aussagekräftigeres Markerset zu erhalten.

Zur Analyse der Daten wurde mittels der Software Past 4 (Hammer et al., 2001) ein Dendrogramm erstellt (Abb.1). Dabei zeigt es sich, dass mehr Sorten als ursprünglich erwartet im Cluster 1a zu finden sind. Dass die alten mitteleuropäischen Sorten wie Ananas, Ungarische Beste, Klosterneuburger oder Langenloiser Marille einen Cluster bilden würden, war aufgrund der Daten aus den Publikationen von Chroboková et al. (2011), Maghuly et al. (2006) und Regner et al. (2004) vorherzusehen. Allerdings war es etwas überraschend, dass sich der Großteil dieser Sorten mit einem fast identen genetischen Profil darin wiederfinden würden. Eine mögliche Erklärung ist, dass es sich um Klone der Sorte Ungarische Beste oder einer anderen ungarischen Sorte handelt, da bei einigen Sorten bekannt ist, dass sie aus Ungarn stammen (siehe Tab. 1). Auch die in Österreich sehr geschätzte Sorte Klosterneuburger Marille ist ein Klon der Ungarische Beste (Regner et al., 2004). Bei der Sorte Luizet, die als französische Sorte gilt, handelt es sich eigentlich auch um eine ungarische, wobei nicht ganz klar ist, ob sie aus Reiseren oder Steinen aus Ungarn gezogen wurde (Löschnig & Passecker, 1954). Diese Sorte weist auch eine sehr nahe Verwandtschaft zur Sorte Ungarische Beste auf.

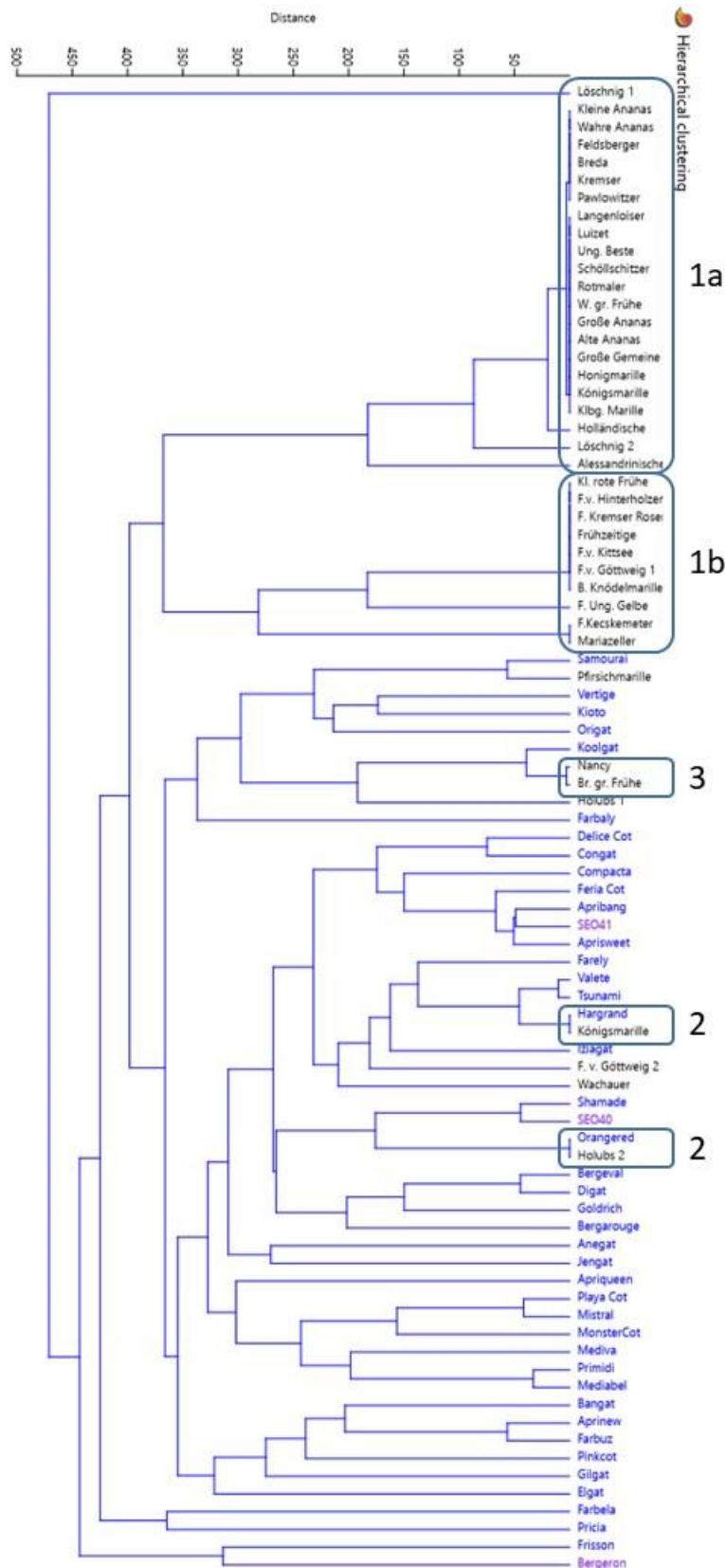


Abbildung 1: Dendrogramm der untersuchten Marillensorten. In schwarz gekennzeichnet sind jene Sorten die schon von Löschnig & Passecker (1954) beschrieben wurden, violett sind Züchtung aus dem Beginn des 20. Jhd., blau Neuzüchtungen der letzten Jahrzehnte

In der Publikation von Maghuly et al. (2006) konnte eine stärkere Unterscheidung von ungarischen und österreichischen Sorten als in dieser Untersuchung erzielt werden. Daher wurden fünf Marillensorten aus dem Cluster 1a mit den in der Studie von Maghuly verwendeten Primer nochmals analysiert. Es konnte aber auch mit diesem Markerset keine bessere Auftrennung erzielt werden (siehe Tab. 3).

Tabelle 3: Testung der Primer aus der Studie von Maghuly et al. (2006) an fünf Sorten aus Cluster 1a

Sorte	PaCITA10	PaCITA19	PaCITA23	PaCITA27	UDAp407	UDAp410	UDAp414	UDAp415	UDAp420					
Feldsberger	176	115	151	147	262	264	171	194	123	146	164	154	160	180
Klosterneuburger	176	115	151	147	262	264	171	194	123	146	164	154	160	180
Luizet	176	115	151	147	262	264	171	194	123	146	164	154	160	180
Ungarische Beste	176	115	151	147	262	264	171	194	123	146	164	154	160	180
Große Ananas	176	115	151	147	262	264	171	194	123	146	164	154	160	180

Im Cluster 1b finden sich fast alle Frühsorten. Auffallend ist, dass hier ebenfalls der Großteil ein fast identes genetisches Profil aufweist. Auch diese ließen sich durch die Verwendung von größeren Markersets nicht auftrennen (siehe Tab.4).

Tabelle 4: Testung eines erweiterten Markersets zur besseren Sortentrennung

Sorte	AMPA103	PaCITA10	PaCITA23	PaCITA19	PaCITA27	UDAp414	UDAp410	UDAp407	UDAp415	UDAp420					
Kleine rote Frühmarille	206	176	147	151	115	249	264	164	172	123	150	171	160	162	180
Frühe Ungarische	206	176	147	151	115	249	264	164	172	123	150	171	160	162	180
Frühe Kremser Rosen	206	176	147	151	115	249	264	164	172	123	150	171	160	162	180
Frühe von Hinterholzer	206	176	147	151	115	249	264	164	172	123	150	171	160	162	180
Frühe von Kittsee	206	176	147	151	115	249	264	164	172	123	150	171	160	162	180

Insgesamt wurden für eine bessere Auflösung der Cluster 1a und 1b 28 zusätzliche Marker ausprobiert, die allerdings auch nicht den gewünschten Erfolg brachte (Daten sind teilweise in Tabelle 2 und 3 angeführt). Daher muss für diese beiden Gruppen die Verwendung anderer molekularbiologischer Methoden überlegt werden, um vielleicht die Ursprungsorten dieser Cluster herauszufinden. Dass es einen genetischen Bottleneck und somit eine genetische Verarmung bei diesen Sorten gibt konnte in der Studie von Bourguiba et al. (2020) gezeigt werden. Allerdings war nach Studium des Buches von Passecker & Löschnig (1954), welches einen guten Überblick über die alten in Österreich gepflanzten Marillensorten gibt, nicht von einer so engen Verwandtschaft auszugehen.

Viele der in der Genbank gepflanzten Sorten sind nicht nur zwei bis viermal vertreten, wie sonst in Genbanken üblich, sondern oft in größerer Stückzahl vorhanden, da auch Verarbeitungsversuche mit den alten Marillensorten durchgeführt werden (laufende Projekte). Bei zwei Sortenreihen zeigte es sich, dass es sich eigentlich um jeweils zwei verschiedene Sorten handelt. Einmal hatte sich die Sorte Orangered unter die Holubs Marillen und beim zweiten Mal die Sorte Hargrand unter die Königsmarillen gemischt (im Dendrogramm mit 2 gekennzeichnet). Diese Unstimmigkeiten waren den Kollegen schon aufgefallen, allerdings wurden noch keine pomologische Bestimmung durchgeführt. Im Zuge dieses Projekts konnten die Bäume genetisch bestimmt und nach Lokalausweis mit pomologischer Bestätigung durch den Obstbaumeister jetzt korrekt im Pflanzplan verzeichnet werden. Die weiteren Königsmarillen müssen auch noch einer genaueren pomologischen Betrachtung unterzogen werden, da sie mit der Referenzsorte der Schweiz zu wenig Übereinstimmung zeigen (Tabelle 5). Daher ist davon auszugehen, dass sich in der Genbank keine Königsmarillen befinden, sondern es sich um eine weitere Sorte aus dem Sortenkreis der Ungarischen Besten handelt. Die teilweise Übereinstimmung, welche auch in Tabelle 4 ersichtlich ist, rührt vermutlich da her, dass laut Faust et al. (1998) eine indirekte Verwandtschaft von Ungarische Beste und Royal (Königsmarille) besteht, wobei die „Hungarian Apricot“ (Ungarische Beste) die Ursprungsorte ist.

Tabelle 5: Vergleich von Königsmarille und Klosterneuburger Marille aus der Genbank mit der Schweizer Referenz der Königsmarille

Sorte	UDAp404		PaCITA16		PaCITA7		PaCITA5		MA040a		MA027a		UDAp413	
Königsmarille	151	151	139	139	190	214	120	136	219	219	142	142	184	184
Klosterneuburger Marille	151	151	139	139	190	214	120	136	219	219	142	142	182	184
Königsaprikose Royal Referenz	158	158	117	117	190	214	120	136	209	219	138	142	150	184

Es zeigte sich auch, dass die Marille von Nancy und die Braunauer große Frühmarille ein nahezu identes Profil aufweisen (im Dendrogramm mit 3 gekennzeichnet). Deshalb müssen diese beiden Sorten aus der Genbank ebenfalls noch weiter untersucht werden.

Schlussfolgerung und Ausblick

Für das Genbankmanagement sind genetische Charakterisierung grundsätzlich ein gutes Hilfsmittel um die zu erhaltenden Sorten zu verifizieren. In diesem Projekt zeigte es sich, dass gerade bei so nahe verwandten Sorten wie den mitteleuropäischen Marillen auch diese sehr praktikable und weniger zeitaufwändige Methode ihre Limits hat. Daher sollte auf jeden Fall immer eine klassische pomologische Analyse bei zu schwacher Unterscheidung der Profile durchgeführt werden.

Deswegen gibt es Überlegungen ein Folgeprojekt mit morphologischer Analyse durchzuführen, da auch mit der Verwendung eines größeren Marker-Sets keine Auftrennung der Frühsorten und des Ungarische Beste – Clusters erreicht werden konnte. In diesem Projekt sollen einerseits alte Bäume (idealerweise 50 Jahre und älter) der Sorten mit identen genetischen Profilen gesucht werden und anschließend sowohl einer pomologischen Beschreibung sowie einer genetischen Untersuchung unterzogen werden. Des Weiteren sollen auch die in der Genbank vorhandenen Bäume pomologisch genauer unter die Lupe genommen werden bzw. die Daten aus einer parallel laufenden Studie herangezogen werden. Ein weiterer Baustein soll die Verwendung anderer genetischer Methoden wie AFLP (Amplified Fragment-Length Polymorphism), RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA) oder SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) sein.

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Auflistung der Sorten und ihrer ursprünglichen Herkunft	8
Tabelle 2: Liste der Mikrosatelliten Marker	12
Tabelle 3: Testung der Primer aus der Studie von Maghuly et al. (2006) an fünf Sorten aus Cluster 1a.....	16
Tabelle 4: Testung eines erweiterten Markersets zur besseren Sortentrennung	16
Tabelle 5: Vergleich von Königsmarille und Klosterneuburger Marille aus der Genbank mit der Schweizer Referenz der Königsmarille.....	17

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Dendrogramm der untersuchten Marillensorten. In schwarz gekennzeichnet sind jene Sorten die schon von Löschnig & Passecker (1954) beschrieben wurden, violett sind Züchtung aus dem Beginn des 20. Jhd., blau Neuzüchtungen der letzten Jahrzehnte 15

Literaturverzeichnis

- Aranzana, M. J., Garcia-Mas, J., Carbó, J., & Arús, P. (2002). Development and variability analysis of microsatellite markers in peach. *Plant Breeding*(121), S. 87-92.
- Bourguiba, H., Scotti, I., Sauvage, C., Zhebentyayeva, T., Ledbetter, C., Krška, B., . . . Audergon, J.-M. (2020). Genetic Structure of a Worldwide Germplasm Collection of *Prunus armeniaca* L. Reveals Three Major Diffusion Routes for Varieties Coming From the Species` Center of Origin. *Frontiers in Plant Science*, 11(638). doi:10.3389/fpls.2020.00638
- Chroboková, E., Raddová, J., Vachůn, M., Krška, B., & Pidra, M. (2011). An analysis of apricot cultivars by random amplified polymorphic DNA and microsatellite primers. *Horticultural Science (Prague)*, 38(4), S. 125-133.
- Cipriani, G., Lot, G., Huang, W.-G., Marrazzo, M. T., Peterlunger, E., & Testolin, R. (1999). AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in peach [*Prunus persica* (L) Batsch]: isolation, characterisation and cross-species amplification in *Prunus*. *Theoretical and Applied Genetics*(99), S. 65-72.
- Dirlewanger, E., Cosson, P., Tavaud, M., Aranzana, M., Poizat, C., Zanetto, A., . . . Laigret, F. (2002). Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Theoretical and Applied Genetics*(105), S. 127-138.
- Faust, M., Surányi, D., & Nyujtó, F. (1998). Origin and Dissimination of apricot. In *Horticultural Reviews* (Bd. 22). John Wiley & Sons.
- Gianfranceschi, L., Seglias, N., Tarchini, R., Komjanc, M., & Gessler, C. (1998). Simple sequence repeats for the genetic analysis of apple. *Theoretical and Applied Genetics*(96), S. 1069-1076.
- Guilford, P., Prakash, S., Zhu, J. M., Rikkerink, E., Gardiner, S., Bassett, H., & Forster, R. (1997). Microsatellites in *Malus X domestica* (apple): abundance, polymorphism and cultivar identification. *Theoretical and Applied Genetics*(94), S. 249-254.
- Hammer, Ø., Harper, D. A., & Ryan, P. D. (2001). PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*, 4(1), S. 9pp.
- Lopes, M. S., Sefc, K. M., Laimer, M., & Da Câmara Machado, A. (2002). Identification of microsatellite loci in apricot. *Molecular Ecology Notes*(2), S. 24-26.
- Löschnig, J., & Passecker, F. (1954). *Die Marille (Aprikose) und ihre Kultur*. Österreichischer Agrarverlag.
- Maghuly, F., Borroto Fernandez, E., Laimer, M., Ruthner, S., Bisztray, G. D., & Pedryc, A. (2006). Microsatellite Characterisation of Apricot (*Prunus armeniaca*) Cultivars Grown in Central Europe. *Acta Horticulturae*, 717, S. 207-212.
- Maghuly, F., Borroto Fernandez, E., Zelger, R., Marschall, K., Katinger, H., & Laimer, M. (2006). Genetic Differentiation of Apricot (*Prunus armeniaca* L.) Cultivars with SSR Markers. *European Journal of Horticultural Science*, 71(3), S. 129-134.

- Messina, R., Lain, O., Marrazzo, M. T., Ciprani, G., & Testolin, R. (2004). New set of microsatellite loci isolated in apricot. *Molecular Ecology Notes*(4), S. 432-434. doi:10.1111/j.1471-8286.2004.00674.x
- Regner, F., Kickenweiz, M., & Hack, R. (2003). Genotyping apricots (*Prunus armeniaca*) by SSR markers. *Mitteilungen Klosterneuburg*(53), S. 29-37.
- Sánchez-Pérez, R., Ruiz, D., Dicenta, F., Egea, J., & Martínez-Gómez, P. (2005). Application of simple sequence repeat (SSR) markers in apricot breeding: molecular characterization, protection, and genetic relationships. *Scientia Horticulturae*, 103, S. 305-315.
- Statistik Austria. (2023). Abgerufen am 6. März 2023 von Datenbank Obstproduktion ab 1975: <https://statcube.at/statistik.at/ext/statcube/jsf/help/metadata.STAT.xhtml?tableDescription=Bundesl%C3%A4nder+und+Jahr+nach+Kulturart+%3CARTEN-Code%3E&dbid=deobst&databaseName=Obstproduktion+ab+1975&key=%23%23db.deobst%40%40Obstproduktion+ab+1975&language>
- Testolin, R., Marrazzo, T., Ciprani, G., Quarta, R., Verde, I., Dettori, M., . . . Sansavini, S. (2000). Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars. *Genome*(43), S. 512-520.
- Wurm, L. (2020). Stärken und Schwächen neuer und traditioneller Marillensorten. *Besseres Obst*(8), S. 12-15.
- Yamamoto, T., Mochida, K., Imai, T., Shi, Z., Ogiwara, I., & Hayashi, T. (2002). Microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] derived from an enriched genomic and cDNA libraries. *Molecular Ecology Notes*(2), S. 298-301. doi:10.1046/j.1471-8286.2002.00242.x

Abkürzungen

DNA	Desoxyribonukleinsäure
INRAE	Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (Französisches Forschungsinstitut für Landwirtschaft, Ernährung und Umwelt)
PCR	Polymerase-Kettenreaktion
SSR	Simple Sequence Repeats oder Mikrosatelliten

Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau

Wiener Straße 74, 3400 Klosterneuburg

weinobst.at