

Untersuchung verschiedener *Prunus domestica* s.l. Sorten aus der Genbank Haschhof mittels SSR Marker



Impressum

Medieninhaber und Herausgeber:
HBLA und Bundesamt Klosterneuburg
Wein- und Obstbau
Wiener Straße 74, 3400 Klosterneuburg
weinobstklosterneuburg.at

Klosterneuburg, 2025. Stand: 27. März 2025

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.....	17
Tabellenverzeichnis.....	18
Abbildungsverzeichnis.....	19
Literaturverzeichnis	20

Zusammenfassung

Das folgende Projekt wurde durchgeführt, um die genetische Vielfalt der *Prunus domestica* sensu lato-Genbank am Haschhof in Klosterneuburg zu untersuchen. Ein weiteres Ziel war der Aufbau einer Datenbank mit den genetischen Profilen der einzelnen Bäume, um die sortenechte Erhaltung für die Zukunft zu gewährleisten.

Zu diesem Zweck wurden genetische Profile mittels Mikrosatelliten-Analyse erstellt. Die Verwendung dieser genetischen Marker stellt eine Standardmethode zur Erstellung genetischer Fingerprints bei Obstbäumen dar. In dieser Untersuchung kamen insgesamt 16 verschiedene Mikrosatelliten zum Einsatz, um eine präzise Differenzierung der Sorten zu ermöglichen. Mit den gewonnenen Daten konnte eine Basisdatenbank aufgebaut werden, die eine eindeutige Identifizierung der Sorten in der Genbank erlaubt.

Es zeigte sich, dass im Bereich der Primitivpflaumen noch weiterer Forschungsbedarf besteht, da mit den verwendeten Markern keine eindeutige Abgrenzung zur Gruppe der Kulturpflaumen möglich war. Zur Klärung dieser Fragestellung sollten künftig weitere Analysen mit zusätzlichen molekularen Methoden sowie ergänzende pomologische Untersuchungen durchgeführt werden.

Summary

This project was conducted to investigate the genetic diversity of the *Prunus domestica* sensu lato gene bank at Haschhof in Klosterneuburg. Another aim was to establish a database containing the genetic profiles of individual trees to ensure the true-to-type preservation of varieties for the future.

For this purpose, genetic profiles were created using microsatellite analysis. The use of these genetic markers is a standard method for generating genetic fingerprints in fruit trees. In this study, a total of 16 different microsatellites were used to enable precise differentiation of the varieties. The obtained data allowed the establishment of a baseline database, which facilitates the clear identification of varieties within the gene bank.

It became evident that further research is needed in the field of primitive plums, as the markers used did not allow for a clear distinction from the group of cultivated plums. To address this issue, additional analyses using other molecular methods as well as further pomological studies should be conducted in the future.

Einleitung

Die Gattung *Prunus domestica* sensu lato ist eine sehr vielfältige Gruppe, die eine große genetische und morphologische Diversität zeigt. Die bekanntesten Vertreter im Bereich der Kultursorten sind die Zwetschken, Pflaumen und Ringlotten. Ihre Verwendung ist ebenso vielfältig, sowohl als Frischobst als auch in verarbeiteter Form als Konfitüre, Kompott, Schnaps oder auch Saft. Nicht zu vergessen sind die Österreich gerne gegessenen Spezialitäten wie Zwetschkenröster oder Powidl. Aber auch die Primitivpflaumen sind gerne verwendete regionale Spezialitäten wie zum Beispiel das Waldviertler Kriecherl, (www.kriecherl.at) welches sogar Namensgeber für eine ganze Genusregion ist. Das Kriecherl (*Prunus domestica* subsp. *insititia* (L.) POIRET) wird gerne mit einem Verwandten aus der Prunus Familie verwechselt, den Myrobalanen oder Kirschpflaumen (*Prunus cerasifera*), dadurch kommt es zu einem beständigen und leisen Verschwinden dieser Kulturart, da das Kriecherl auf die Nutzung als Halbkulturpflanze durch den Menschen angewiesen ist. (Schramayr, et al., 2014)

Ein weiteres Beispiel ist der Rote Spenling, der zur Pflaumenfamilie der Spenlinge, gehört. Diese Sorte ist in Österreich sehr selten und stark gefährdet, mit nur wenigen verbliebenen Bäumen in Oberösterreich. Die ca. 3 cm langen Früchte mit gelb-orangem Fruchtfleisch sind in der Vollreife saftig, angenehm säuerlich-süß und meist steinlösend. Sie eignen sich besonders für die Verarbeitung zu Marmeladen und Edelbränden. (Bernkopf, 2019) Es gibt auch noch gelbe und blaue Spielarten (Schramayr, et al., 2014).

Grundsätzlich spielen Zwetschken in Österreich im Anbau eher eine untergeordnete Rolle (2,1% der Obstflächen). Davon liegen die meisten Kulturflächen in der Steiermark mit 58,9% gefolgt von Niederösterreich mit 19,1%. Die Hauptsorten sind Toptaste, Jojo (zwei neuere Züchtungen) und Hauszwetschke, eine traditionelle, jahrhundertealte Sorte. (Statistik Austria, 2025)

Die Mikrosatelliten-Analyse umfasst die Identifizierung und Untersuchung spezifischer DNA-Regionen, die kurze, sich wiederholende Nukleotidsequenzen enthalten. Diese Wiederholungen, bestehend aus 2 bis 7 Basenpaaren – sogenannte Mikrosatelliten oder SSRs (*Simple Sequence Repeats*) –, sind hochvariabel in ihrer Wiederholungsanzahl und werden daher häufig als genetische Marker zur Sortendifferenzierung eingesetzt. Um mehrere Ge-

norte (Loci) zu vergleichen, ist es üblich, eine größere Anzahl (mindestens sechs) unterschiedlicher Mikrosatellitenmarker zu verwenden. Dies ist notwendig, da bei verschiedenen Organismen an einem Locus dasselbe Allel (Genvariante) vorkommen kann (Guilford, et al., 1997). Durch den Vergleich der Größe und Anzahl der Allele lässt sich die genetische Ähnlichkeit oder Vielfalt zwischen den Sorten bestimmen. Diese Informationen können genutzt werden, um einzigartige Sorten zu identifizieren, den genetischen Ursprung sowie die Verwandtschaftsverhältnisse zwischen verschiedenen Sorten nachzuvollziehen. Zudem lassen sie sich zur Züchtung neuer Sorten mit gewünschten Eigenschaften einsetzen, indem Eltern mit komplementären genetischen Hintergründen gezielt ausgewählt werden (Sánchez-Pérez, et al., 2005).

In diesem Projekt wurden Bäume der Gattungen *Prunus domestica* s.l. und *Prunus cerasifera* vom Versuchsgut Haschhof genetisch untersucht. Die Genbank umfasst eine Anlage mit Spindelerziehung für die Kultursorten sowie Hochstammerziehung mit Öschbergkrone für die Primitivpflaumen. Im Kriechelversuchsquartier 012 erfolgt die Erziehung ebenfalls als Hochstamm mit Öschbergkrone.

Das Ziel dieser Arbeit war durch den Abgleich der erhaltenen genetischen Profile, eventuelle Fehler im Pflanzplan zu finden, bislang unbekannte Sorten zu identifizieren und eine Datenbank aufzubauen um die sortenechte Erhaltung auch in den kommenden Jahren zu gewährleisten. Insgesamt wurden in diesem Projekt 113 Bäume genetisch charakterisiert. Zusätzlich wurden 20 weitere Bäume in die Auswertung einbezogen, die im Rahmen des Projekts „Obst-Inventur Österreich“ in Kooperation mit dem Verein Arche Noah genetisch untersucht wurden.

Material und Methoden

Die Blätter der untersuchten *Prunus domestica* s.l. und *Prunus cerasifera* Sorten stammen aus den Quartieren 132 und 012. Insgesamt wurden 133 Bäume analysiert, es handelt sich dabei um Zwetschken, Pflaumen, Mirabellen, Ringlotten, Kriecherl, Primitivpflaumen und Kirschpflaumen-Sorten (Tab.1).

Tabelle 1: Auflistung der Sorten nach den Arten und ihre ursprüngliche Herkunft

Sorte	Herkunft/Zuchtstation	Züchter	Züchtungsjahr
<u>Ringlotten</u>			
Große Grüne Ringlotte	vm. Syrien oder Armenien		vor 1400
Mirabelle von Nancy	Nancy (F)		vor 1500
Oullins Ringlotte	Coligny (F)		um 1800
Graf Althanns Reneklode	Swoyschitz (CZ)	J. Procházka	1850-1860
Miragrande	Forschungsanstalt Geisenheim (D)	Helmut Jacob	1995
Bellamira	Forschungsanstalt Geisenheim (D)	Helmut Jacob	1994
Ruby Säulenmirabelle	unbekannt		
<u>Zwetschken/Pflaumen</u>			
Hauszwetschke	unbekannt		vor 1600
Italienische Zwetschke	vm. Lombardei (IT)		vor 1800
Kirkespflaume	Brompton, Kensigton (GB)	Joseph Kirke	um 1810
Schöne von Löwen	vm. Bivort (B)	ev. van Mons	vor 1845
Wangenheims Frühzwetschke	Brüheim bei Gotha (D)		1837
Kendelbrucker Zwetschke	Kendelbruck, Sbg.		

Roßpauken	OÖ		
Elisa	unbekannt		
Elena	Universität Hohenheim(D)	Walter Hartmann	1980
Haganta	Universität Hohenheim(D)	Walter Hartmann	1985
Hanita	Universität Hohenheim(D)	Walter Hartmann	1991
Jojo	Universität Hohenheim(D)	Walter Hartmann	1981
Katinka	Universität Hohenheim(D)	Walter Hartmann	1982
Top	Forschungsanstalt Geisenheim (D)	Helmut Jacob	1985
Topend plus	Forschungsanstalt Geisenheim	Helmut Jacob	1994
Topfive	Forschungsanstalt Geisenheim	Helmut Jacob	1987
Topfirst	Forschungsanstalt Geisenheim (D)	Helmut Jacob	1992
Tophit	Forschungsanstalt Geisenheim	Helmut Jacob	1987
Topking	Forschungsanstalt Geisenheim	Helmut Jacob	1988
Toptaste	Forschungsanstalt Geisenheim (D)	Helmut Jacob	1994
Pitestean	Research Institute for Fruit Growing Pitesti-Maracineni (RO)		1967
Čačaks Frühe	Forschungsstation Cacak (SRB)		1961
Čačaks Fruchtbare	Forschungsstation Cacak (SRB)		1961
Čačaks Schöne	Forschungsstation Cacak (SRB)	Staniša A. Paunović, Milisav Gavrilović und Petar Mišić	1961
Valjevka	Forschungsstation Cacak (SRB)		1959
Stanley	New York State Agricultural Experiment Station (US)	Richard Wellington	1912
Bluefree	Missouri State Fruit Experiment Station (USA)	Paul H. Shepard	1947
Baya Aurelia	Wissenschaftszentrum Weihenstephan (D)	Dr. Michael Neumüller	
<u>Kriecherl</u>			
Wagenstädter Pflaume	Wagenstadt (D)		vor 1800

Waldviertler Eierkriecherl	Oberrösenauer Wald, NÖ
Waldviertler Kriecherl	Waldviertel
Steirisches Kriacherl	Steiermark
Rote Krieche	unbekannt
Krieche	unbekannt
<u>Primitivpflaumen</u>	
Bidling	unbekannt vor 1850
Gelber Spenling	unbekannt
Roter Spenling	unbekannt
Blauer Spenling	unbekannt
Pemsen	unbekannt
Gelber Penzen	unbekannt
Punze	unbekannt
Ziparte	unbekannt
Gelbe Ziparte	unbekannt
Rotzwetschke	unbekannt
Zwispitz	unbekannt
Blaue Halbwetschke	unbekannt
Weinkrieche	unbekannt
<u>Kirschpflaumen</u>	
Unika Blutpflaume	unbekannt vor 1956
Kirschpflaume	unbekannt
<u>Noch zu identifizieren</u>	
Rote Ringlotte G376 (At)	unbekannt

Rosa Pflaume Rutschhang G383 (At)	unbekannt
Kriecher AP G377 (At)	unbekannt
Herbstkriecher G378 (At)	unbekannt
Kriecher L G379 (At)	unbekannt
Rosa Spenling G380 (At)	unbekannt
Kleines rundes Kriecherl G41 (At)	unbekannt
Hof Kirschkirchweide G381 (At)	unbekannt
Kirschkirchweiden- bastard G20 (At)	unbekannt

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 Blattstanz 15 min bei 95°C in einem Puffer (0.1 M NaOH, 2% Tween 20) erhitzt, danach mit einem weiteren Puffer (0.1 M HCl, 0.1 M Tris-HCl pH 8.0, 0.05 M EDTA) neutralisiert und noch einer PCR Inhibitor Entfernung (OneStep PCR inhibitor removal Kit, Fa.Zymogen) unterzogen. Die erhaltenen Extrakte wurde 1:30 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 16 verschiedene Primerpaare in vier Multiplex-Ansätzen verwendet (Tab.2). Die Multiplex-Sets Z1 und Z2 enthalten jene Primer die schon von Ecogenics zur Charakterisierung der *Prunus domestica* – Gruppe etabliert worden sind. Die beiden Sets M1 und M2 wurden neu etabliert um das von ECPGR empfohlene Markerset zu erhalten (Nybom, et al., 2020). Die forward Primer (Fa. Microsynth AG, CH) waren am 5' Ende mit vier verschiedenen Fluoreszenz-Farbstoffen (Yakima Yellow, Atto565, FAM und Atto550) markiert um die 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/60s) x 40 – 72°C/30min. Für die Multiplex-PCR wurde der Malus DE Hot Start Master Mix verwendet.

Die Fragmentlängen-Analyse wurde am Kapillarsequenzierer ABI 3730XL (Fa. Applied Biosystems) durchgeführt. (Microsynth Ecogenics Fact Sheet 2022)

Tabelle 2: Liste der Mikrosatelliten-Marker

Primer	Makerset	Primersequenz (5' - 3')	Species	Referenz
BPPCT007	M1	TCATTGCTCGTCATCAGC	Pfirsich	Dirlewanger et al. (2002)
		CAGATTCTGAAGTTAGCGGTA		
BPPCT040	M2	ATGAGGACGTGTCTGAATGG	Pfirsich	Dirlewanger et al. (2002)
		AGCCAAACCCCTTTATACG		
BPPCT034	M1	CTACCTGAAATAAGCAGAGCC AT	Pfirsich	Dirlewanger et al. (2002)
		CAATGGAGAATGGGGTGC		
UDP98-407	M1	AGCGGCAGGCTAAATATCAA	Pfirsich	Cipriani et al. (1999)
		AATCGCCGATCAAAGCAAC		
UDP96-005	M1	GTAACGCTCGCTACCACAAA	Pfirsich	Cipriani et al. (1999)
		CCTGCATATCACCACCCAG		
BPPCT014	M2	TTGTCTGCCTCATCTTAACC	Pfirsich	Dirlewanger et al. (2002)
		CATCGCAGAGAACTGAGAGC		
BPPCT039	M2	ATTACGTACCCTAAAGCTTCTGC	Pfirsich	Dirlewanger et al. (2002)
		GATGTCATGAAGATTGGAGAGG		
PacA33	M2	TCAGTCTCATCCTGCATACG	Marille	Decroocq et al. (2003)
		CATGTGGCTCAAGGATCAAA		
CPSCT005	Z1	F: CTGCAAGCACTGCCGATCTC	Japanische Pflaume	Mnejja et al. (2004)
		R: CCCATATTCCAACCCATTA		
CPSCT012	Z1	F: ACGGGAGACTTTCCAGAAG	Japanische Pflaume	Mnejja et al. (2004)
		R: CTTCTCGTTTCCTCCCTCT		
CPSCT006	Z1	F: ACAAACCAAGCACCGTCTC	Japanische Pflaume	Mnejja et al. (2004)
		R: GGGCAAATGCTTACCTGTTC		

CPSCT039	Z1	F: GCCGCAACTCGTAAGGAATA	Japanische Pflaume	Mnejja et al. (2004)
		R: TCCACCGTTGATTACCCTTC		
CPSCT044	Z2	F: CCAGCACAGAGAAAACGATG	Japanische Pflaume	Mnejja et al. (2004)
		R: GAGCTCCTACTCTGAGTCTGTAAAA		
CPSCT026	Z2	TCTCACACGCTTTCGTCAAC	Japanische Pflaume	Mnejja et al. (2004)
		AAAAAGCCAAAAGGGGTTGT		
CPSCT035	Z2	TCTTTGATTACCCATGAGCAA	Japanische Pflaume	Mnejja et al. (2004)
		TGGGGAACACATTGGATCTT		
CPSCT024	Z2	TGGGTCGTCTTCTTTATCGTG	Japanische Pflaume	Mnejja et al. (2004)
		CCTCACCAAACGGTAGTCAG		

Die genetischen Daten wurden von Ecogenics mit dort gespeicherten Profilen abgeglichen und diese Ergebnisse sowie die Rohdaten kamen zur Auswertung. Zusätzlich wurden die erhaltenen Profile in die Datenbank *Annona* des Vereins Arche Noah eingespielt und mit den im Projekt „Obst-Inventur Österreich – Genetische Charakterisierung unserer Obstsammlungen“ (gefördert vom Biodiversitätsfonds des BMK) generierten Daten abgeglichen.

Ergebnisse und Diskussion

Zur genetischen Charakterisierung der *Prunus domestica* s.l. Sorten der Genbank Haschhof wurden 16 Mikrosatelliten-Marker verwendet um ein aussagekräftiges Profil zu erhalten. Dabei wurden einerseits die von der Firma Ecogenics etablierten acht verwendet sowie acht zusätzliche hinzugefügt, die von der ECPGR-Arbeitsgruppe zur Charakterisierung von *Prunus domestica* Sammlungen empfohlen werden (Nybom, et al., 2020).

Zur Analyse der Daten wurde diese in der Datenbank *Annona* des Vereins Arche Noah mit weiteren nationalen und internationalen genetischen Profilen abgeglichen. Die genetischen Profile wurden dabei in Gengruppen eingeteilt und so konnten auch bis dahin unbekannte Proben bestimmten Sorten zugeordnet werden. Allerdings gibt es im Bereich der Primitivpflaumen immer noch einige offene Fragen, da es teilweise keine eindeutige Zuordnung zu einer Sorte gab. Diese Proben wurden mit dem Zusatz (At) für Arbeitstitel gekennzeichnet. Einige Beispiele sind in Tabelle 3 angeführt.

Tabelle 3: Beispiele für die Sorten-Zuordnung und pomologisch zu prüfende Sorten

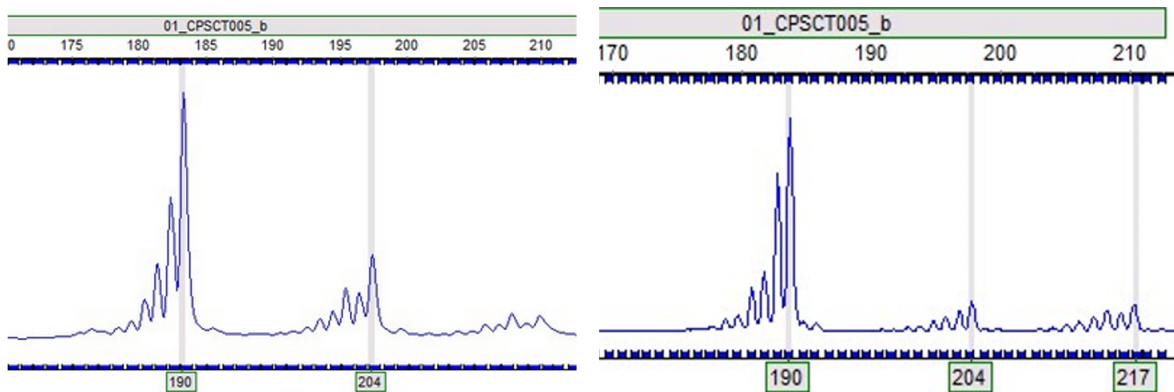
Probenname	Gengruppe	Name nach Abgleich
Blaugrün bereifte Runde	G382	Wagenstädter Pflaume
Große Pflaume	G10	Kirkespflaume
BGS_19	G33	Wangenheimer Frühzwetschke
		Pomologisch zu prüfen auf:
Zwiespitz (At)	G20	Kirschpflaumenbastard
Weinkrieche (At)	G375	Zwetschkensämling, neue Edelsorte
BGS_18 (At)	G372	Neue Edelsorte

Insgesamt konnten 81 Proben einer Sorte zugeordnet werden. 32 Bäume müssen noch pomologisch überprüft werden, da es sich entweder um Lokalsorten, Sämlinge oder Sorten ohne Referenzprofil handelt. In der Genbank befinden sich derzeit 75 nationale und internationale Sorten.

Um etwas mehr Licht ins Dunkel zu bringen wurde versucht die erhaltenen Daten mit den publizierten genetischen Profilen von Gasi, et al. (2020) und Nybom, et al. (2020) in Einklang

zu bringen und dann abzugleichen. Dieses Vorgehen wurde schon beim Dafne-Projekt „Apfelbeschreibungen“ (Silhavy-Richter & Markl, 2021) sehr erfolgreich angewandt. Allerdings stellte es sich dieses Vorgehen bei der *Prunus domestica* Gruppe als nicht zielführend heraus. Das liegt einerseits daran, dass es sich um eine hexaploide Art handelt und nicht wie bei den Äpfeln um di- bzw. triploide Sorten. Dadurch ergeben sich in der Auswertung viel mehr Fehlerquellen, wie zum Beispiel das Übersehen einer schwachen Bande (siehe Abb. 1) oder die Wertung einer Artefakt-Bande als Allel (Gasi, et al., 2020).

Abbildung 1: Unterschiedliche Auswertung zweier Profile der Sorte Stanley aufgrund von schwachen Banden



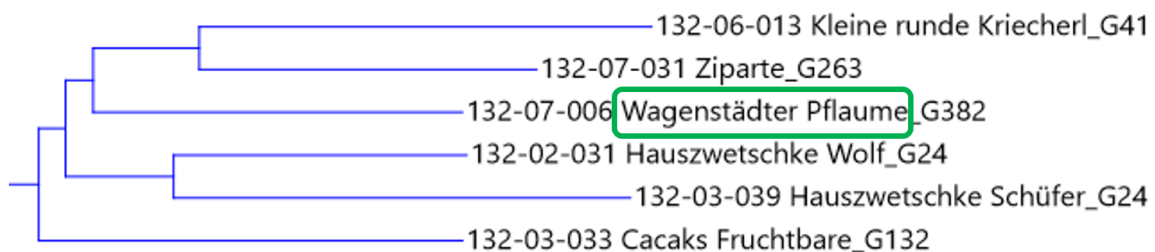
Andererseits spielt auch die Aufarbeitungsmethode der Proben in den Labors eine Rolle. In diesem Fall könnte es ausschlaggebend gewesen sein, dass eine Multiplex-PCR statt Einzel-PCRs für jeden Marker durchgeführt wurde (Nybom, et al., 2020). Durch diese beiden Faktoren - Aufarbeitung und Auswertung - lassen sich die Unterschiede bei den Referenzsorten erklären (siehe Tab. 4), wodurch die in diesem Projekt erhaltenen Daten nicht mit den beiden oben genannten Studien vergleichbar sind.

Tabelle 4: Unterschiede zwischen den im Projekt erhaltenen genetischen Profilen und den Referenzsorten von Gasi, et al. (2020)

	BPPCT040				UDP98 407			UDP96 005					
Nancy_G7	124	126	128	132	146	180	196	102	105	113	136		
REF5_Nancy	124	128				180	180	102	113	136			
Topfirst_G82	128	132	146			164		105	113	129	153		
REF8_Topfirst	126	128	144	146		186	192	104	113				
Stanley_G3	126	128	132	146		202		105	113	136			
REF7_Stanley	126	128	146			190	194	203	102	104	111	113	136

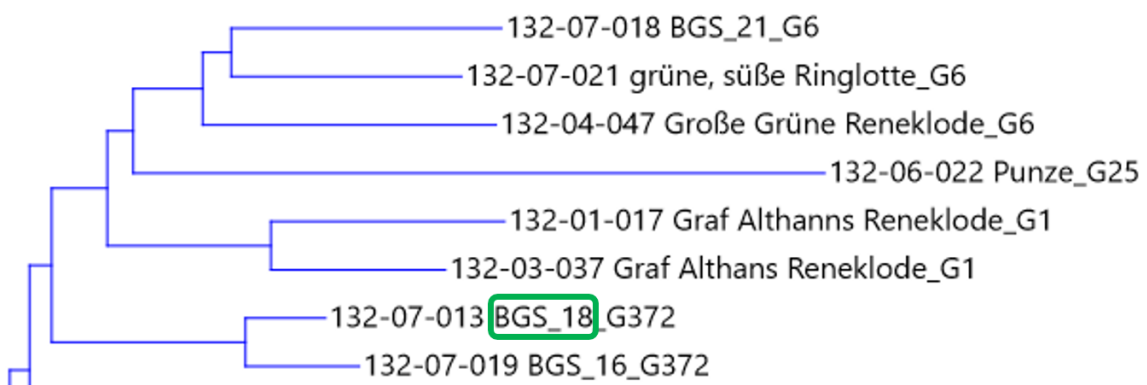
Weiters wurden noch zur Analyse der Daten mit der Software Past 4.12b (Hammer, et al., 2001) ein Dendrogramm erstellt. Allerdings zeigte es sich, dass es mit dem hier angewandten Berechnungsalgorithmus zu keiner eindeutigen Trennung zwischen den Kultursorten und den Primitivpflaumen kommt. Ein Grund dafür könnten die schon weiter oben angeführten Probleme bei der Auswertung der Daten sein, aber auch generell bedingt durch die Hexaploidie der Proben. In Abbildung 2 ist ein Ausschnitt des Dendrogramms gezeigt, wo man sieht, dass es entweder eine nähere Verwandtschaft zwischen der Wagenstädter Pflaume (eine Kriecherl-Sorte) und der Hauszwetschke gibt oder aufgrund der nicht ganz idealen Berechnungsmethode dieser Schluss entstanden ist.

Abbildung 2: Dendrogramm mit möglicher Verwandtschaft von Hauszwetschke und Wagenstädter Pflaume



Grundsätzlich sind genetische Bäume immer zusätzlich auf Plausibilität zu prüfen, da es je Nichtsdestotrotz können sie auch ein gutes Hilfsmittel darstellen, wenn es darum geht unbekannte Sorten pomologisch zu prüfen. Zum Beispiel, in Abbildung 3 ist eine mögliche Verwandtschaft der unbekanntes eventuell neuen Edelsorte BGS_18 mit den beiden Ringlotten-Sorten Graf Althans und Große Grüne Reneklode zu erkennen. Daher wird zunächst in diese Richtung ermittelt werden, ob es sich tatsächlich um eine neue Ringlotten-Sorten handelt.

Abbildung 3: Dendrogramm mit möglicher Verwandtschaft einer unbekanntes Sorte mit zwei bekannten Ringlotten-Sorten



Schlussfolgerung und Ausblick

Die genetische Charakterisierung spielt eine zentrale Rolle im Genbankmanagement, da sie eine genaue Identifikation und Dokumentation von Obstbaumsorten und Obstbäumen ermöglicht. Durch den Einsatz molekularer Marker, wie Mikrosatelliten (SSRs), können Sorten eindeutig bestimmt, Doppelungen erkannt und Fehleintragungen im Pflanzplan korrigiert werden. Dies trägt wesentlich zur Erhaltung der genetischen Vielfalt und zur Sicherstellung einer sortenechten Vermehrung bei. Zudem erlaubt die genetische Analyse eine effiziente Verwaltung der Genbankbestände, da sie weniger zeitaufwendig als klassische pomologische Methoden ist. Außerdem ermöglicht sie eine jahreszeitenunabhängige Analyse, da eingefrorene Blattproben jederzeit untersucht werden können.

Durch diese Arbeit konnte die *Prunus domestica* s.l. Genbank am Haschhof auf den aktuellen Stand gebracht werden. Die genetischen Profile wurden in einer Datenbank zur weiteren Bearbeitung gesichert und können so für zukünftige Abgleiche herangezogen werden.

Die Auswertung der genetischen Daten zeigte, dass insbesondere im Bereich der Primitivpflaumen noch erheblicher Klärungs- und Forschungsbedarf vorhanden ist. Ein erster Schritt wird die pomologische Untersuchung der unbekanntenen Proben sein. Zudem sollen potenziell neue Sorten, wie die in Tabelle 3 angeführte Weinkriecher (At), sowohl pomologisch beschrieben als auch auf ihre Eignung als Tafel- bzw. Verarbeitungsobst getestet werden.

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Auflistung der Sorten nach den Arten und ihre ursprüngliche Herkunft.....	8
Tabelle 2: Liste der Mikrosatelliten-Marker.....	12
Tabelle 3: Beispiele für die Sorten-Zuordnung und pomologisch zu prüfende Sorten.....	14
Tabelle 4: Unterschiede zwischen den im Projekt erhaltenen genetischen Profilen und den Referenzsorten von Gasi, et al. (2020).....	15

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Unterschiedliche Auswertung zweier Profile der Sorte Stanley aufgrund von schwachen Banden.....	15
Abbildung 2: Dendrogramm mit möglicher Verwandtschaft von Hauszwetschke und Wagenstädter Pflaume.....	16
Abbildung 3: Dendrogramm mit möglicher Verwandtschaft einer unbekanntem Sorte mit zwei bekannten Ringlotten-Sorten.....	16

Literaturverzeichnis

Bernkopf, S. (2019). Roter Spenling. Von Streuobstsorte des Jahres:

<https://argestreuobst.at/wp-content/uploads/2020/03/Streuobstfolder-Roter-Spenling.pdf> abgerufen

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.

Decroocq, V., Favé, M. G., Hagen, L., Bordenave, L., & Decroocq, S. (2003). Development and transferability of apricot and grape EST microsatellite markers across taxa. *Theoretical and Applied Genetics*(106), S. 912-922. doi:10.1007/s00122-002-1158-z

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.

Gasi, F., Sehic, J., Grahic, J., Hjeltnes, H. S., Ordidge, M., Benedikova, D., . . . Nybom, H. (2020). Genetic assessment of the pomological classification of plum *Prunus domestica* L. accessions sampled across Europe. *Genetic Resources and Crop Evolution*. doi:10.1007/s10722-020-00901-y

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.

Mnejja, M., Garcia-Mas, J., Howad, W., Badenes, L., & Arús, P. (2004). Simple-sequence repeat (SSR) markers of Japanese plum (*Prunus salicina* Lindl.) are highly polymorphic and transferable to peach and almond. *Molecular Ecology Notes*(4), S. 163-166. doi:10.1111/j.1471-8286.2004.00603.x

Nybom, H., Giovanni, D., Ordidge, M., Hjeltnes, H. S., Grahic, J., & Gasi, F. (2020). ECPGR recommended Simple Sequence Repeat loci for analyses of European plum (*Prunus domestica*) collections. *Genetic Resources*, 1(1), S. 40-48.

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.

Schramayr, G., Kajtna, B., Anhalt, U. C., & Haydn, C. (2014). Die Kriecherl. (N. Landschaftsfonds, Hrsg.)

Statistik Austria. (2025). Erhebung der Erwerbsobstanlagen - Kalenderjahr 2023 - Endgültige Ergebnisse.

Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau

Wiener Straße 74, 3400 Klosterneuburg

weinobst.at