

Tobias Bruchmüller

Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst

Untersuchungen zur Variabilität
morphologischer Eigenschaften
und volatiler organischer
Verbindungen von Petersilie
(*Petroselinum crispum* [Mill.]
Nyman) in Bezug zu Wirt-Parasit-
Interaktionen ökonomisch
bedeutender Pathogene sowie
Marker-Merkmal-Assoziationen



Dissertationen aus dem Julius Kühn-Institut

Kontakt:

Tobias Bruchmüller
Käthe-Kollwitz-Straße 16
06484 Quedlinburg
Telefon: 0178/1698624
E-Mail: tbruchmueller@rocketmail.com

Die Schriftenreihe „Dissertationen aus dem Julius Kühn-Institut“ veröffentlicht Doktorarbeiten, die in enger Zusammenarbeit mit Universitäten an Instituten des Julius Kühn-Instituts entstanden sind oder herausragende eigenständige Arbeiten aus den Forschungsgebieten des JKI darstellen.

Der Vertrieb dieser Monographien erfolgt über den Buchhandel (Nachweis im Verzeichnis lieferbarer Bücher - VLB) und OPEN ACCESS im Internetangebot www.jki.bund.de Bereich Veröffentlichungen.

Wir unterstützen den offenen Zugang zu wissenschaftlichem Wissen.
Die Dissertationen aus dem Julius Kühn-Institut erscheinen daher OPEN ACCESS.
Alle Ausgaben stehen kostenfrei im Internet zur Verfügung:
<http://www.jki.bund.de> Bereich Veröffentlichungen

We advocate open access to scientific knowledge. Dissertations from the Julius Kühn-Institut are therefore published open access. All issues are available free of charge under <http://www.jki.bund.de> (see Publications).

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation
In der Deutschen Nationalbibliografie: detaillierte bibliografische
Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

ISBN 978-3-930037-97-1

Herausgeber / Editor

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Quedlinburg, Deutschland
Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Quedlinburg, Germany

© Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen sowie der genannten Universität, 2013.

Das Werk ist urheberrechtlich geschützt. Die dadurch begründeten Rechte, insbesondere die der Übersendung, des Nachdrucks, des Vortrages, der Entnahme von Abbildungen, der Funksendung, der Wiedergabe auf fotomechanischem oder ähnlichem Wege und der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen, bleiben, auch bei nur auszugsweiser Verwertung, vorbehalten.

**Untersuchungen zur Variabilität morphologischer Eigenschaften
und volatiler organischer Verbindungen von
Petersilie (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nyman) in Bezug zu
Wirt-Parasit-Interaktionen ökonomisch bedeutender Pathogene
sowie Marker-Merkmal-Assoziationen**

**Dissertation
zur Erlangung des
Doktorgrades der Agrarwissenschaften
doctor agriculturarum (Dr. agr.)**

der

Naturwissenschaftlichen Fakultät III
Agrar- und Ernährungswissenschaften,
Geowissenschaften und Informatik

der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

vorgelegt von

Herrn Bruchmüller, Tobias
Geb. am 21.12.1977 in Quedlinburg

Gutachter:

1. Prof. Dr. habil. Klaus Pillen
2. Priv. Doz. Dr. habil. Andreas Börner
3. Dr. habil. Wolf-Dieter Blüthner

Verteidigung am: 02.09.2013

Halle /Saale 2013

... für meine Familie

„Ohne Spekulation gibt es keine neue Beobachtung.“

Charles Darwin (1809-1882), englischer Naturforscher

Inhaltsverzeichnis

1 Einleitung	1
1.1 Petersilie (<i>Petroselinum crispum</i> [Mill.] Nyman).....	1
1.2 <i>Septoria petroselini</i> und <i>Plasmopara petroselini</i> sowie Resistenzquellen in Petersilie	3
1.3 Volatile organische Verbindungen in <i>Petroselinum crispum</i>	6
1.4 Volatile organische Verbindungen innerhalb der pflanzlichen Pathogenabwehr	9
1.5 Formen der Resistenz.....	10
1.6 Genetische Distanz, Assoziationsstudien und Genotypisierung innerhalb von <i>Petroselinum crispum</i>	12
1.7 Zielsetzung.....	19
2 Material und Methoden	20
2.1 Material	20
2.1.1 Pflanzenmaterial zur Untersuchung der intraspezifischen Variabilität von Petersilie	20
2.1.2 Quellen für <i>Septoria</i> -Resistenz.....	20
2.2. Methoden	22
2.2.1 Entwicklung von Linien mit <i>Septoria petroselini</i> -Resistenz	22
2.2.2 Erstellung von Kreuzungskombinationen	23
2.2.3 Versuche zur Prüfung der Wirtsresistenz gegen <i>Septoria petroselini</i> mit künstlicher Infektion in der Klimakammer.....	24
2.2.4 Freilandversuche auf Resistenz gegen <i>Septoria petroselini</i> mit natürlicher Infektion	26
2.2.5 Bewertung des Befalls durch <i>Septoria petroselini</i> und <i>Plasmopara petroselini</i>	27
2.2.6 Erfassung und Auswahl morphologischer Merkmale sowie taxonomische Klassifikation des Weltsortimentsversuches-Petersilie	30
2.2.7 Erfassung und Auswahl volatiler organischer Verbindungen	32
2.2.8 Erhebung der molekulargenetischen Merkmale	34
2.2.9 Mathematisch-statistische Anwendungen.....	41
3 Ergebnisse	44
3.1 Morphologische Merkmale, Wirt–Parasit-Interaktionen von <i>Septoria petroselini</i> und <i>Plasmopara petroselini</i> , volatile organische Verbindungen sowie genetische Variabilität innerhalb eines Weltsortimentes von <i>Petroselinum crispum</i>	44
3.2 Assoziationsstudie–Weltsortiment	64
3.3 Landrasse-Typen im Weltsortiment-Petersilie - geographische Ursprungsregionen	72
3.4 Ausprägung der <i>Septoria petroselini</i> -Resistenz in weiteren Versuchen	77
3.5 Beziehungen volatiler organischer Verbindungen zu Wirt-Parasit-Interaktionen von <i>Septoria petroselini</i> des Weltsortimentsversuches-Petersilie in weiteren Freilandversuchen	83
3.6 Vererbung der <i>Septoria petroselini</i> -Resistenz	88

4 Diskussion	95
4.1 Morphologische Merkmale, Wirt-Parasit-Interaktionen von <i>Septoria petroselini</i> und <i>Plasmopara petroselini</i> , volatile organische Verbindungen sowie genetische Variabilität innerhalb eines Weltsortimentes von <i>Petroselinum crispum</i>	95
4.2 Assoziationsstudie-Weltsortiment.....	106
4.3 Landrasse-Typen im Weltsortiment-Petersilie - geographische Ursprungsregionen	112
4.4 Ausprägung der <i>Septoria petroselini</i> -Resistenz in weiteren Versuchen.....	114
4.5 Beziehungen volatiler organischer Verbindungen zu Wirt-Parasit-Interaktionen von <i>Septoria petroselini</i> des Weltsortimentsversuches-Petersilie in weiteren Freilandversuchen	117
4.6 Vererbung der <i>Septoria petroselini</i> -Resistenz	119
4.7 Ausblick	123
5 Zusammenfassung/Summary.....	124
6 Literaturverzeichnis	128
7 Anhang.....	138
8 Weitere Verzeichnisse	232
8.1 Abkürzungsverzeichnis.....	232
8.2 Abbildungsverzeichnis	234
8.3 Tabellenverzeichnis	235

Danksagung

Publikationsliste

Lebenslauf

Eidesstattliche Erklärung

1 Einleitung

1.1 Petersilie (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nyman)

Petersilie (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nyman) gehört zur Familie der Doldenblütler (*Apiaceae*, früher *Umbelliferae*), welche vier Unterfamilien und ca. 300 Gattungen mit etwa 2500 bis 3000 Arten beinhaltet (Engler 1964, Heywood 1982). Der Name *Apiaceae* stammt vom lateinischen „*apex*“ ab, was Spitze oder Kopf bedeutet (Schubert und Wagner 2000) und fand später Eingang in Bezeichnungen wie „*Apium graveolens*“ (Sellerie) oder bei von Linné (1753) „*Apium petroselinum*“ (Petersilie) (Danert 1959). Selleriekränze wurden damals den Siegern zur Ehre verliehen (Schubert und Wagner 2000). Der Familienname *Umbelliferae* entspringt dem Lateinischen „*umbella*“, was im Deutschen Schirm heißt und des Weiteren im botanischen Sprachgebrauch für Dolde steht (Schubert und Wagner 2000).

Der heute korrekte Name für Petersilie „*Petroselinum crispum*“ leitet sich vom Griechischen „*petros*“ für „Fels“ und „*selinon*“ (*petroselinon*) für Sellerie ab (Schubert und Wagner 2000). „*Selinon*“ wurde im Griechischen auch oft für wilde Petersilie verwendet. Im Lateinischen wurde „*petroselinon*“ zu „*petroselinum*“ adaptiert. Weiterhin steht „*selinon*“ für die griechische Stadt mit dem Fluss „*selinum*“, an dessen Ufern üppiger Pflanzenbewuchs vorherrschte (UNI-GRAZ 2002). Laut Schubert und Wagner 2000 bedeutet „*selinum*“ auch Eppich und leitet sich vom griechischen „*selene*“ ab, was Mond oder Fruchtform bedeutet. Der Artnamen „*crispum*“ entstammt dem lateinischen Begriff „*crispus*“ (kraus) (Marzell 1977).

Eine von mehreren taxonomischen Einteilungen ist die Klassifikation nach Danert (1959). Diese taxonomische Gliederung besteht aus zwei Konvarietäten (*convar. crispum* und *convar. radicosum*), sechs Varietäten und acht Formen. Eine Übersicht über dieses System gibt Tabelle 2.6.

Petroselinum crispum ist eine vorrangig zweijährige Kultur, die im zweiten Jahr einen zylindrisch, längsgestreiften Stengel ausbildet, der stark verzweigt ist. Die Pflanze erreicht eine Höhe von bis zu 1 Meter. Die Blätter der Petersilie sind kraus bis glatt, vollkommen kahl, dreieckig und zwei- bis dreifach gefiedert. Es gibt Petersilientypen mit verdickter rübenförmiger Wurzel und Typen mit nichtverdickter Wurzel (Becker-Dillingen 1956, Warncke 1993).

Die Früchte sind breit-eiförmige Doppelachänen von grünlich bis graubrauner Farbe mit längsgerippter Oberfläche und werden von Ölstriemen durchzogen (Wurzer 1994, Warncke 1993).

Verwendung

Bei den Griechen und Römern in der Antike galt die Petersilie vor allem als Heilpflanze, welche die stärkste harntreibende, eine menstruationsfördernde und blähungstreibende Wirkung haben sollte. Petersilie wurde auch gegen Nieren- und Blasenschmerzen empfohlen. Im Mittelalter schrieb man der Petersilie weitere Anwendungen gegen Leberschäden und Haut-

krankheiten zu. Noch bis zum 18. Jh. wurde Petersilie als Heilpflanze genutzt, wobei in der Volksmedizin die Samen als Abtreibungsmittel für Frauen und Potenzmittel für Männer genutzt wurden (Mielke und Schöber-Butin 2007; Kremer 2003).

Seit dem 16. Jh. verwendet man Petersilie aufgrund ihrer charakteristischen Note zunehmend als Küchen- oder Würzkräut (Mielke und Schöber-Butin 2007). Die Wirkungen werden heute auf eine Tonussteigerung, diuretische Wirkung und Kontraktionsförderung am Uterus beschränkt (Schilcher und Kammerer 2003).

Heute ist Petersilie die bedeutendste Gewürzpflanze mit einer geringen Bedeutung als Heilpflanze und wird in Deutschland auf einer Freilandfläche von 1217 ha angebaut (N.N. 2010). Die Nutzung der Petersilie erfolgt weltweit, wobei sie auch verwildert „unter anderem“ (u.a.) in entlegenen Gebieten wie Australien, Japan, Südafrika, Island, Grönland und Norwegen zu finden ist (Mielke und Schöber-Butin 2007).

Ursprung

Der genetische Ursprung der Petersilie ist laut Mandy (1970) das Mittelmeergebiet, vor allem Griechenland und der südliche Teil Italiens. Nach Mielke und Schöber-Butin (2007) könnte das Ursprungsgebiet im südöstlichen Mittelmeergebiet und westlichen Asien liegen. Nach Wurzer (1994) werden darüber hinaus Anatolien und Nordafrika als Abstammungsgebiet angegeben.

Blüte und Blühbiologie

Als Art der *Apiaceae* hat Petersilie eine Dolde als Blüte mit 5 bis 15 kleineren Dolden, die sich wiederum aus 10 bis 15 kleinen Blüten zusammensetzen (Wurzer 1994). Sie ist fünfzählig und hat laut Heß (1990) die Blütenformel $rK5C5A5G(2)$.

Die Bestäubung von *Petroselinum crispum* erfolgt hauptsächlich über Insekten, die Blüten sind hermaphroditisch und protandrisch. Die Bestäubungs- und Befruchtungsquote sind gut und die Blüten sind nicht selbststeril. Die Blühperiode dauert unter natürlichen Bedingungen von Juni bis Juli des zweiten Jahres. Für das Blühen ist mäßig warmes, klares und ruhiges Wetter günstig (Mandy 1970).

Eine Petersilienblüte beginnt ca. 9:00 Uhr aufzublühen. Das Blühen dauert ca. 4 – 8 Tage. Die Narben der zwittrigen Blüten reifen nach den Antheren und sind somit protandrisch. Innerhalb der Dolde gibt es einen Gradienten bezüglich des Blühens, wobei die äußeren Blüten beginnen (zentripetaler Verlauf). Je Pflanze kommen die Dolden sukzessive zur Blüte, d.h., auch hier gibt es einen Gradienten. Zuerst blüht die Primärdolde, es folgen die Sekundärdolden und später alle weiteren Dolden höherer Ordnung bzw. der Nebentriebe (Mandy 1970, Forwick *et al.* 2003).

Züchtung und Zytologie

Mögliche Züchtungsmethoden sind bei der Petersilie die Polycrossmethode, Sortenkreuzungen und die Mutationszüchtung. Ebenso ist eine einfache Massenauslese denkbar (Mandy 1970). Über die Kreuzungskombinationszüchtung bei Petersilie wurde nur sehr selten berichtet, so von van Niekerk (2005). Detaillierte Beschreibungen zur Kreuzungsmethodik finden sich lediglich bei verwandten Arten wie Sellerie (Kappert und Rudolf 1962).

Aufgrund der nahen genetischen Verwandtschaft zu Sellerie konnten erfolgreich Gattungskreuzungen vorgenommen werden (Honma und Lacy 1980).

Die Anzahl der Chromosomen beträgt $n = 11$, wobei ein doppelter Chromosomensatz (Diploidie) vorliegt. Im Jahr 1962 wurde am Institut in Weibullsholm eine tetraploide Form erzeugt und aufgrund von Chromosomenabberationen wurden auch Pflanzen mit Trisomie-Garnitur ($2n = 23$) entdeckt (Mandy 1970).

Schaderreger

Zu den biotischen Schaderregern gehören nach Crüger *et al.* (2002) Virus-, Bakterien- und Pilzkrankheiten sowie einige tierische Schaderreger. Die größte Bedeutung unter den Viren haben für die Petersilie das Petersilien-Y-Virus und das Möhrenscheckungsvirus. Weitere Viruskrankheiten mit allgemein geringerer Bedeutung sind in Klingowski (1977) und Crüger *et al.* (2002) erwähnt. Unter den Bakterienkrankheiten müssen vor allem die Bakterienweichfäule und die Bakterien-Blattflecken genannt werden. Tierische Schaderreger mit nicht unerheblicher Bedeutung sind z.B. Nematoden, Blattläuse und der Petersilienrüsselkäfer.

Als pilzliche Pathogene mit Bedeutung für den Freilandanbau treten neben „*Septoria petroselini*“ Desm. (*S. petroselini* - Erreger der *Septoria*-Blattflecken) (INDEXFUNGORUM [1] 2012) und *Plasmopara petroselini* Sävul. et O. Sävul. (*P. petroselini* - Erreger des falschen Mehltaus) (Sävulescu und Sävulescu 1951), *Erysiphe heraclei* (Erreger des echten Mehltaus), *Alternaria radicina* (Erreger der *Alternaria*-Blattflecken), *Sclerotinia sclerotiorum* (Erreger der *Sclerotinia* Fäule) sowie Pilze der Gattung *Pythium* (Hauptverursacher der Umfallkrankheit und Wurzelfäule) (Crüger *et al.* 2002) auf.

Die bedeutendsten Schaderreger im Freilandanbau sind jedoch *S. petroselini* und *P. petroselini* (Meyer *et al.* 2010).

1.2 *Septoria petroselini* und *Plasmopara petroselini* sowie Resistenzquellen in Petersilie

Septoria-Blattflecken

Der Schaderreger *S. petroselini* verursacht anfangs gelbe unregelmäßige Flecken, die sich zu braunen Symptomen auf den Blättern entwickeln. Der Beginn findet auf den älteren Blättern und den Stengeln statt. In den zum gesunden Blattgewebe mit dunklem Rand scharf ab-

gegrenzten Läsionen entwickeln sich kleine schwarze Fruchtkörper, aus denen auch Sporenschleim austreten kann. Bei starkem Befall kann es bis zum kompletten Vergilben und Vertrocknen der Blätter kommen (Bedlan 1999, Meyer *et al.* 2010).

Biologie

Der pilzliche Schaderreger *S. petroselini* gehört innerhalb der Abteilung der *Ascomycota* zur Familie der *Mycosphaerellaceae* (INDEXFUNGORUM [1] 2012). Der Erreger ernährt sich perthotroph (Marthe und Scholze 1997) und überdauert durch Pyknidien auf abgestorbenem Pflanzenmaterial (Meyer *et al.* 2010). Das Phytopathogen ist streng wirtsspezifisch (Hagner-Holler 2002). Laut Meyer *et al.* (2010) ist eine Saatgutübertragung belegt. Hagner-Holler (2002) hingegen erklärt eine durch das Saatgut verursachte systemische Infektion für unwahrscheinlich, jedoch eine vom Saatgut ausgehende, über den Boden stattfindende Übertragung des Pilzes für möglich. Die Pyknosporen keimen bei feuchten Bedingungen aus und infizieren die Pflanzen. Laut Meyer *et al.* (2010) erfolgt die Infektion neben einem Einwachsen über die Stomata auch durch eine direkte Penetration in das Blatt. Bei Hagner-Holler (2002) war hingegen eine direkte Penetration des Pilzes durch das Pflanzengewebe nicht nachweisbar. Die optimalen Temperaturen für das Pilzwachstum werden von den Autoren mit 18°C (+/- 2°C) (Marthe und Scholze 1996) und 20-25°C bzw. Wechselphasen von 16-18/24°C (Kurt und Tok 2006, Hagner-Holler 2002) angegeben. Für eine gute Infektion sind in den ersten 72 h sehr hohe Luftfeuchtwerte notwendig. Das Myzel des Pilzes wächst interzellulär und bildet im Blatt Konidien, die der Massenvermehrung dienen (Meyer *et al.* 2010, Hagner-Holler 2002). Die Ausbreitung im Bestand geschieht vor allem durch Regenspritzer (Krauthausen 2001).

Verbreitung und Bedeutung

Das verursachende Pathogen der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit wurde erstmalig 1843 in einer Veröffentlichung beschrieben (INDEXFUNGORUM [1] 2012). Der erste Nachweis in Ontario erfolgte 1990 von Cerkauskas und Uyenaka sowie in der Türkei 2003 von Kurt.

Der Erreger ist heute weltweit verbreitet (Hagner-Holler 2002). Zu erheblichen wirtschaftlichen Schäden führt der Schaderreger bei feucht-kühler Witterung ab dem Monat Juli/ August.

Widerstandsfähige Sorten beziehungsweise Resistenzquellen

Ergebnisse zur Anfälligkeit von Sorten und Herkünften wurden u.a. von Cerkauskas (1991) sowie von Marthe und Scholze (1997) veröffentlicht. Jedoch mangelt es an umfangreichen repräsentativen Informationen zur *S. petroselini*-Resistenz.

Ausprägung und Erbgang der *Septoria petroselini*-Resistenz

In Marthe und Scholze (1997) sind Angaben über eine quantitative Ausprägung der *S. petroselini*-Resistenz einiger Genotypen zu finden, die später durch Ergebnisse von Ulrich *et al.* (2011) bestätigt wurden. Auch in anderen Kulturen finden sich Angaben über quantitative Resistenzausprägungen gegen Pilze derselben Gattung, wie z.B. für *Septoria tritici*, beim Spelzweizen (*Triticum aestivum*) (Simon *et al.* 2004). Wilson (1979) berichtet von einzelnen dominanten Genen in zwei Weizenherkünften bezüglich der *Septoria tritici*-Resistenz und Kleijer *et al.* (1977) von einem dominanten Gen im Sämlingsstadium bezüglich der *Septoria nodurum*-Resistenz beim Weizen. Darüber hinaus konnten bisher keine Hinweise für Rassenspezifität in der Wirt-Parasit-Interaktion von *S. petroselini* gefunden werden (Struckmeyer und Marthe 2008). Unterschiedlich starke Virulenzen mehrerer Isolate wurden von Struckmeyer und Marthe (2008) und Hagner-Holler (2002) belegt. Angaben zum Erbgang bezüglich *S. petroselini* gibt es in der Literatur nicht.

Falscher Mehltau

„*Plasmopara petroselini*“ (*P. petroselini*) überschneidet sich häufig teilweise mit in der Literatur angegebenen Namen wie u.a. *Plasmopara nivea*, *Plasmopara crustosa* oder *Plasmopara umbelliferarum* (Crepel und Ingelbrecht 2003). Schaderreger dieser Namenszuordnungen treten an Kulturpflanzen wie bspw. Angelika (*Angelica archangelica*), Anis (*Pimpinella anisum*), Fenchel (*Foeniculum vulgare*) und Kümmel (*Carum carvi*) (Fritzsche *et al.* 2007) auf. *Plasmopara petroselini* ist jedoch als eigene Art morphologisch deutlich abzugrenzen (Amein *et al.* 2006, Constantinescu *et al.* 2005, INDEXFUNGORUM [2] 2012). Die Wirtsspezifität von *P. petroselini* scheint nach bisherigen Quellen noch nicht ganz ergründet zu sein.

Typisch für die Symptomatik des Schaderregers *P. petroselini* sind unregelmäßige gelblich-bleiche Flecken auf der Blattoberseite und ein weißer Sporenrasen auf der Blattunterseite sowie teilweise auch auf den Stengeln (Spaar *et al.* 1985). Da die Pflanzen im unteren Bestandbereich langsamer abtrocknen, werden zuerst die älteren Blätter befallen. Geschädigte Blätter sterben im weiteren Entwicklungsverlauf des Schaderregers, aufgrund der Nekrotisierung der Symptome, häufig komplett ab (Meyer *et al.* 2010).

Biologie

Der Pilz gehört innerhalb der Unterabteilung der *Mastigomycotina* zur Familie der *Peronosporaceae* und ernährt sich somit obligat parasitisch (Börner 1997). Die Überdauerung des Erregers vollzieht sich durch Oosporen, welche nach dem Auskeimen Sporangien freisetzen, die durch Wind und Wasser verbreitet werden. Die Erstinfektion geschieht durch diese Sporangien bei mittleren bis höheren Temperaturen und sehr hoher Luftfeuchtigkeit. Der Eintritt der Sporen in das Pflanzengewebe erfolgt über die Stomata, welche dort ein Myzel

entwickeln. Sich ausbildende Sporangienträger wachsen aus den Spaltöffnungen heraus und sind somit als weißer Sporenrasen auf der Blattunterseite erkennbar. Bei niedrigen Temperaturen von ca. 5°C und sehr hoher Luftfeuchte treten aus den Sporangien Zoosporen, welche dann neue Infektionen verursachen. Die Verbreitung des Pilzes im Bestand erfolgt durch Spritzwasser, Wind und Kulturmaßnahmen (Meyer *et al.* 2010).

Verbreitung und Bedeutung

Die Erstbeschreibung des Phytopathogens unter dem Namen *Plasmopara nivea* erfolgte 1886 durch Schröter (Meyer *et al.* 2010). In Belgien wurde *P. petroselini* erstmals von Crepel und Ingelbrecht (2003), in Schweden durch Amein *et al.* (2006) und in der Türkei durch Soyulu *et al.* (2010) beschrieben.

Heute ist der Schaderreger in allen deutschen Anbaugebieten häufig vertreten und zeigt ein Schadpotential, welches das von *S. petroselini* übertrifft (Meyer *et al.* 2010).

Widerstandsfähige Sorten beziehungsweise Resistenzquellen

Widerstandsfähige bzw. resistente Sorten oder Sortenkandidaten gegen *P. petroselini* sind aus der Literatur fast nicht bekannt. Lediglich bei Krauthausen und Leinhos (2007) wurde von der symptomfreien Petersiliensorte „Felicia“ berichtet.

Ausprägung und Erbgang der *Plasmopara petroselini*-Resistenz

Es sind keine Informationen zur Ausprägung und zum Erbgang der *P. petroselini*-Resistenz aus der Literatur bekannt. Jedoch sind in anderen Kulturen wie der Sonnenblume *Helianthus annuus* Angaben zu sowohl qualitativen als quantitativen Resistenzausprägungen mit rasse-spezifischen Reaktionen gegenüber dem Erreger des falschen Mehltaus (*Plasmopara halstedii*) zu finden (Sakr 2010).

1.3 Volatile organische Verbindungen in *Petroselinum crispum*

Die primären Pflanzeninhaltsstoffe (Kohlenhydrate, Aminosäuren, Lipide und Proteine) werden im Haupt- bzw. Primärstoffwechsel, der in allen Organismen ähnlich verläuft, synthetisiert. Darüber hinaus werden im pflanzlichen Sekundärstoffwechsel Substanzen zu Zehntausenden produziert, welche jedoch auf wenige Schlüsselenzyme zurückzuführen sind.

Die Sekundärmetabolite werden je nach Art sehr speziell ausgebildet. Für das Überleben des Individuums spielen diese Metabolite eine untergeordnete Rolle, jedoch eine wesentliche Rolle zur Erhaltung der Art, da diese u.a. als Signal-, Abwehr- oder Speicherstoffe fungieren können. Nicht wenige Wege im Sekundärmetabolismus sind in ihren Funktionen teilweise oder vollkommen ungeklärt (Wink 2008, Steglich *et al.* 1997, Lewinsohn und Gijzen 2009). Weiterhin haben diese Stoffe als Aromaverbindungen nicht selten einen erheblichen Einfluss auf Geruch und Geschmack (Schwab 2008).

Chemische Gruppen wie Kohlenwasserstoffe, Alkohole, Aldehyde, Phenylpropanderivate (Phenyläther) und Ketone der Mono- und Sequiterpenreihe, die zu den „volatile organic compounds“ (VOCs) zählen, sind im ätherischen, also flüchtigen Öl von Petersilienblättern enthalten (Johnson *et al.* 1971). In allen Pflanzenteilen der Petersilie findet man ätherisches Öl (Adam *et al.* 2009, Bohrer 1989). Das von der Pflanze gebildete ätherische Öl wird bei den *Apiaceae* in schizogenen Sekret- oder Ölbehältern, die bei Petersilie röhrenförmig sind und somit als Ölgänge bezeichnet werden, gespeichert (Bresinsky *et al.* 2008).

Wirksamkeitsbestimmende Inhaltsstoffe in der Petersilienwurzel, welche bis zu 0,7 % ätherisches Öl enthalten, sind Apiol und Myristicin, darüber hinaus Furanocumarine wie Bergapten und Isoimperatorin. Darüber hinaus enthalten die Wurzeln und das Kraut Terpene, Flavonoide und Polyine (Polyacetylene) (Schilcher und Kammerer 2003, Adam *et al.* 2009).

Das ätherische Öl der Frucht, welches nach Warncke (1993) häufig Gehalte von 2 bis 7 Prozent aufweist, beinhaltet weiterhin als wichtigste Einzelsubstanzen die fetten Öle Öl- und Petroselinensäure.

Die Blätter enthalten bis zu 1,2 % ätherisches Öl, welches wesentliche Gehalte an v.a. Myrcen, p-1,3,8-Menthatrien sowie auch Apiol und Myristicin aufweist (Kim *et al.* 1990, Adam *et al.* 2009). Hingegen sind nur Spuren der Terpene α - und β -Pinen im ätherischen Öl des Blattes zu finden. Wertgebende Aromastoffe des Krautes sind nach Bohrer (1989) u.a. die Terpene β -Pinen, β -Myrcen, β -Phellandren, Terpinolen, 1,3,8-p-Menthatrien sowie p-Cymol (1-Methyl-4-isopropenylbenzol) und die Phenylpropane Apiol und Myristicin. Auch sind viele Minkomponenten wesentlich am typischen Petersilienaroma beteiligt (Steglich *et al.* 1997).

Gruppen von volatilen organischen Verbindungen

Wichtige pflanzliche VOCs sind u.a. Terpene bzw. Terpenoide, die den größten Teil der VOCs ausmachen (49,3%) (Kim *et al.* 1990). Weiteren Produkten des „Lipoxygenase“ (LOX)-Stoffwechselweges, den „green leaf volatiles“ (GLVs), kommen bedeutende Funktionen zu (Maffei 2010, Dudareva *et al.* 2004).

Terpene und Terpenoide

Zurzeit sind 40000 Terpene und Terpenoide bekannt. Terpene haben als Duft- und Aromastoffe, Pheromone, Pharmaka und Stoffe mit antimikrobieller Wirkung eine große Bedeutung in aus Pflanzenteilen gewonnenen ätherischen Ölen. Auch in Tieren kommen Terpene vor, jedoch in geringerem Maße als Pheromone und Ablenkstoffe. Terpene sind Polymerisationsprodukte des Kohlenwasserstoffs Isopren und werden deshalb auch Isoprenoide genannt (Steglich *et al.* 1997, Breitmaier 2005). Nach der Isoprenregel nach Wallach und Ruzicka (1887 und 1921) setzen sich Terpene aus Isopren-Einheiten $(C_5)_n$ zusammen (Breitmaier 2005). Entsprechend der Anzahl unterteilt man in Monoterpene (C_5), Sesquiterpene

(C₁₅), Diterpene (C₂₀), Sesterterpene (C₂₅), Triterpene (C₃₀), Tetraterpene (C₄₀) und Polyterpene.

Zu den Terpenoiden gehören neben den Kohlenwasserstoffen auch die, um eine funktionelle Gruppe ergänzten, daraus abgeleiteten Alkohole, Aldehyde, Ketone und Ester.

Die Biosynthese der Terpene kann beginnend mit dem Acetyl-Coenzym A (aktivierte Essigsäure) über den klassischen Acetat/R-Mevalonat-Weg zu Zwischenprodukten wie „Isopentenylpyrophosphat“ (IPP) und „Dimethylallylpyrophosphat“ (DMAPP) und letztendlich zu Mono- und Sesquiterpenen führen. Alternativ kann auch über einen bei Grünalgen und Pflanzen fast 40 Jahre später (1996/97) veröffentlichten Weg zu den Vorläuferzwischenprodukten IPP und DMAPP und somit zur Terpenbildung führen.

In Petersilie nicht unbedeutende Terpene sind neben bereits erwähnten Verbindungen bspw. Sesquiphellandren, p-Menthenol, Terpinenol und γ -Terpinen (Steglich *et al.* 1997, Breitmaier 2005, Kim *et al.* 1990).

Steroide (Synonym: Sterole) gehören zu den Triterpenoiden und gehen somit ebenfalls auf den Terpenstoffwechsel zurück. Sterole kommen im Tier- und Pflanzenreich vor. Phytosterole gehören ebenfalls zu den Sekundärmetaboliten, denen vor allem bei Nahrungs-, Arznei- und Giftpflanzen in der Volksheilkunde erhebliche Bedeutungen zukommen. Das in Petersilie bspw. vorkommende Dimethylstyrol ist den Phytosterolen zuzuordnen (Steglich *et al.* 1997, Marthe und Krüger 2007).

Green leaf volatiles als Produkte des Lipoxygenase-Stoffwechselweges

Reaktionsprodukte des LOX-Stoffwechselweges gehören zu den Oxylipinen, welche wiederum alle Reaktionsprodukte von mehrfach ungesättigten Fettsäuren einschließen (Grechkin 1998, Maffei 2010) und kommen in Säugetieren und Pflanzen vor. In Säugetieren sind sie in ihren Funktionen intensiv erforscht (Blee 2002). Sie erfüllen z.B. Funktionen als Stresshormone (Prostaglandine und Thromboxane) (Kuhn und Thiele 1999).

In Pflanzen haben LOX und ihre Stoffwechselprodukte nach Porta und Rocha-Sosa (2002) vielfältige Funktionen über die gesamte Ontogenese der Einzelpflanze hinweg. So spielen diese Substanzen im Samen als Abwehr- und Speicherstoffe, bei der Keimung bezüglich der Lipidmobilisierung, während des vegetativen Wachstums z.B. bei der Zellstreckung oder Fruchtreifung, bei Verletzung oder Insektenfraß als Signal- oder Abwehrstoff sowie nach Pathogenbefall bei Hypersensitivitätsreaktionen oder Abwehrstoffen eine Rolle.

Nach Feußner und Wasternack (2002) ist LOX das Schlüsselenzym mehrerer möglicher LOX-Reaktionswege.

In Abhängigkeit davon, ob mehrfach ungesättigte Fettsäuren (z.B. Linol- oder Linolensäure) zu 9- oder 13-Hydroxylinsäure oxidieren, unterteilt man grundlegend in den 9- oder 13-LOX-Weg. Neben einer älteren Nomenklatur der LOX-Wege nach pH-Optimum gibt es eine weitere Einteilung, die sich auf Chloroplasten-Transidipeptid-Sequenzabschnitte (Chloroplasten-

Zielsequenz) bezüglich der LOX-Proteine bezieht (Siedow 1991, Slusarenko 1996, Feußner und Wasternack 2002).

Folgende Reaktionswege führen zu den jeweils aufgeführten Endprodukten innerhalb der LOX-Wege (Feußner und Wasternack 2002).

Der Hydroperoxid-Lyase (HPL)-Weg hat als Reaktionsprodukte Blattalkohole und Blattaldehyde, u.a. (Z)3-Hexenal und Folgeprodukte wie (Z)3-Hexenol, Hexanal, (E)2-Hexenal und 3-Hexenylacetate, die zu den GLVs zählen, da sie charakteristische Fruchtaromen erzeugen oder nach frisch gemähtem Gras riechen (Vick und Zimmermann 1987, Gardner 1991, Dunemann *et al.* 2009, D'Auria *et al.* 2007, Maffei 2010). Zu diesen genannten GLVs gibt es zahlreiche wissenschaftliche Arbeiten bezüglich der Aufklärung von LOX-Genen, die nicht unerheblichen Einfluss auf die Synthese dieser Phytoalexine haben (Bate *et al.* 1998, Gomi *et al.* 2003, Hong *et al.* 2004).

Ein weiterer hier genannter Weg ist der Allenoxid-Synthase-(AOS)-Weg, der als bekanntestes Endprodukt die Jasmonsäure hat, welche als Signalmolekül fungiert (Vick und Zimmermann 1987, Gardner 1991, Blee 2002).

Neben diesen beiden LOX-Stoffwechselwegen gibt es noch weitere Synthesewege, die Reaktionsprodukte wie Epoxyalkohole, Hydroxide, Divinylether oder Ketone entstehen lassen (Feußner und Wasternack 2002).

1.4 Volatile organische Verbindungen innerhalb der pflanzlichen Pathogenabwehr

Zu den pflanzlichen Abwehrmaßnahmen bei einem Pathogenbefall gehören nach Hallmann *et al.* (2007) strukturelle Barrieren, die präinfektionell oder postinfektionell wirken. Zu den präinfektionellen Mechanismen gehören z.B. eine verdickte Kutikula, welche u.a. Pilzen die Penetration erschwert, oder Zellwände, in die Glykoproteine, Lignin oder Kieselsäure, eingelagert werden, um das Eindringen zu erschweren.

Postinfektionelle strukturelle Barrieren sind u.a. sich bildende Korkzellen (Korksicht), welche das weitere Eindringen eines Pathogens verhindern und das gesunde vom kranken Gewebe in der Nährstoffversorgung abtrennen. Weiterhin gibt es die „hypersensitivity reaction“ (HR), die innerhalb von 30 bis 150 Minuten abläuft und eine Überempfindlichkeitsreaktion zwischen infizierter Wirtszelle und einem inkompatiblen Schaderreger darstellt. Durch das folgende Absterben der infizierten Zelle, was zu abgegrenzten Nekrosen führt, werden die Nährstoffversorgung und die Ausbreitung des Schaderregers beendet. Ferner löst die HR weitere Signale zur Abwehr in der Pflanze aus, wie u.a. die Bildung von Phytoalexinen oder die Induktion von „pathogenesis-related proteins“ („PR proteins“ - PR-Proteinen).

Eine weitere Kategorie der pflanzlichen Pathogenabwehr sind die biochemischen Abwehrmaßnahmen, zu denen die Bildung von Terpenen, Terpenoiden und Phytoalexinen zählt. Man differenziert hier ebenfalls in präinfektionelle Mechanismen, zu welchen die Einlagerung von Terpenen und Terpenoiden sowie darüber hinaus u.a. Saponinen, welche eine ähnliche

Struktur wie Steroide und Sterole aufweisen, gehört (Börner 1997). Terpene und Terpenoide haben innerhalb von Pflanzen antimikrobielle und speziell antifungale Wirkungen (Sekine *et al.* 2007) sowie auch Abwehr- und Signalfunktionen gegenüber Schadinsekten (Padovan *et al.* 2010).

Eine weitere Gruppe der biochemischen Abwehrmaßnahmen stellen die postinfektionellen Mechanismen von Pflanzen, zu denen u.a. die Bildung von Phytoalexinen und PR-Proteinen gehört, dar.

Phytoalexine, die ein sehr niedriges Molekulargewicht haben, sind chemisch von sehr unterschiedlichem Charakter und können vielfältig von der Pflanze ausgeprägt werden. Vor allem sind sie den Terpenoiden, Phenolderivaten oder Isoflavonoiden zuzuordnen, auch zählen Furanocumarine dazu. Die Synthese in den Pflanzen wird ausgelöst durch Elicitoren (Signal- oder Botenstoffe), die sich auf der Oberfläche des Myzels der Pilze befinden. Die zeitlich begrenzte Produktion von Phytoalexinen erfolgt lokal in gesundem Gewebe um den Infektionsherd, wobei ein Transport dieser Verbindungen in andere Teile der Pflanze nicht erfolgt. Lediglich eine Akkumulation in den abgestorbenen und nekrotisierten Arealen konnte nachgewiesen werden. Ebenfalls können Phytoalexine jedoch auch durch abiotische Stressoren gebildet werden (Desjardins *et al.* 1989, Börner 1997).

Allgemein haben Phytoalexine eine antimikrobielle Wirkung, sie konnten bisher u.a. zum großen Teil bei zweikeimblättrigen Pflanzen, wie den *Apiaceae* (z.B. Möhre), den *Solanaceae* (z.B. Kartoffel) und den *Leguminosae* (z.B. Erbse) nachgewiesen werden. Bei resistenten Pflanzen werden größere Mengen von Phytoalexinen schneller synthetisiert als bei anfälligen Pflanzen. Die Wirkung bezieht sich auf die Störung der Membranaktivität, was zu fundamentalen Beeinträchtigungen des Schaderregers führt (Hallmann *et al.* 2007).

Speziell die GLVs Hexanal und (*E*)2-Hexenal haben wesentliche Funktionen nach durch z.B. von pilzlichen Pathogenen verursachte Verletzungen des pflanzlichen Gewebes (Ruther und Furstenau 2005; Kost und Heil 2006). In mehreren Versuchen wurden die direkten fungiziden Wirkungen von Hexanal und (*E*)2-Hexenal durch Hemmung des Myzelwachstums von Pilzen nachgewiesen (Song *et al.* 1996, Arroyo *et al.* 2007, Kishimoto *et al.* 2008). Weiterhin wurde bei Arroyo *et al.* 2007 eine Störung der Zellwände und Plasmamembranen von pilzlichen Konidien durch (*E*)2-Hexenal belegt.

1.5 Formen der Resistenz

Es werden die vererbte und die erworbene Resistenz unterschieden. Innerhalb der vererbten Resistenz unterteilt man in die Wirts- und Nicht-Wirtsresistenz. Bei der Nicht-Wirtsresistenz handelt es sich um eine Basisresistenz, bei der das Pathogen die Resistenz des Nicht-Wirtes unmöglich überwinden kann.

Bei der Wirtsresistenz handelt es sich um eine Basiskompatibilität, bei der das Pathogen grundlegend die Mechanismen besitzt, um den Wirt zu befallen, es jedoch aufgrund von spe-

ziellen genetischen Konstellationen (Resistenzgene) nicht zu einem Befall kommen kann. Es handelt sich bei diesen speziellen Inkompatibilitäten um horizontale oder vertikale Resistenzen.

Die vertikale Resistenz (auch differenzielle oder spezifische Resistenz) äußert sich durch mono- oder oligogene Determinierung und gründet auf der Gen-für-Gen-Hypothese nach Flor (1971). Der Zustand der Pflanze ist als krank oder gesund einzustufen. Daher handelt es sich also um eine „ja/nein“- bzw. um eine qualitative Reaktion. Die Wirkung der Resistenz ist sehr hoch, jedoch ist die Resistenz leicht zu durchbrechen. Die Reaktion bezüglich des Schaderregers erfolgt rassenspezifisch und ist wenig umweltabhängig. Nicht selten erfolgt die vertikale Resistenz als HR der Pflanze.

Die horizontale Resistenz (auch generelle oder unspezifische Resistenz) ist polygen verankert und wirkt gegen alle Rassen oder Individuen eines Pathogens. Die Gene wirken additiv oder quantitativ. Diese Resistenz wirkt nicht so stark wie die vertikale Resistenz, jedoch ist sie beständiger. Typisch ist eine umweltabhängige Verzögerung des Befallsverlaufs (Hallmann *et al.* 2007).

Betrachtet man im Vergleich zur vererbten die erworbene, also genetisch nicht verankerte Resistenz (auch induzierte Resistenz), untergliedert man hier in die „systemic acquired resistance“ (SAR) und die „induced systemic resistance“ (ISR).

Die erworbene Resistenz wird durch biotische und abiotische Induktoren ausgelöst, die keine direkte Wirkung auf den Schaderreger haben. Die erworbene Resistenz wirkt in Abhängigkeit vom Induktor lokal oder systemisch. Sie hat einen quantitativen und unspezifischen Wirkcharakter. Somit wird keine vollständige Befallsfreiheit erreicht. Nach der Induktion bis zum Eintreten der erhöhten Widerstandsfähigkeit vergehen wenige Stunden bis zu mehreren Tagen, ihre Wirkdauer ist im Gegensatz zur Immunität bei Warmblütern zeitlich begrenzt, weshalb die erworbene Resistenz auch als Präimmunität bezeichnet wird. Induktoren können u.a. Pilze, Bakterien, Viren oder chemische Substanzen sein. Manche Resistenzinduktoren sind als Pflanzenstärkungsmittel zugelassen.

Bei der erwähnten SAR kommt es zur vermehrten Bildung von PR-Proteinen auch in entlegenden Teilen der Pflanze, wodurch bei einem wiederholten Befall die Pflanze eine schnellere Abwehrreaktion leisten kann als eine nicht induzierte Pflanze. PR-Proteine sind einerseits grundlegend in der Pflanze vorhanden, andererseits wird die Produktion dieser Eiweiße nach Pathogenbefall erheblich erhöht. Die Funktionen der bisher bekannten 14 Familien von PR-Proteinen (PR-1 bis PR-14) sind vielfältig. Als die bedeutendsten Proteine erscheinen Glukanasen und Chitinasen (PR-3) mit zellwandauflösenden Wirkungen bei Pilzen. Weitere Familien sind Inhibitoren von Enzymen, mit denen die Phytopathogene die Zellwände der Pflanze angreifen oder Proteine der Pflanze zu Ernährung aufschließen. Defensine, als kleine pilzhemmende Proteine, gehören ebenso zu den PR-Proteinen wie viele bis heute noch nicht näher beschriebene Eiweiße. Weiterhin kommt es zu einer Anreicherung von Salicyl-

säure, die als Signalmolekül in der Resistenzreaktionskaskade und als Auslöser für die Expression von Resistenzgenen nicht unwesentlich von Bedeutung ist.

Auch bei der ISR kann nach einer Resistenzinduktion die Pflanze schneller auf einen Pathogenbefall reagieren als eine nicht induzierte Pflanze. Es kommt jedoch nicht zur Anreicherung von PR-Proteinen und zur erhöhten Synthese von Salicylsäure. Hier sind oft Ethylen und Jasmonsäure von erheblicher Wichtigkeit, die über ihre Funktion als Signalmolekül hinaus direkt auf den Stoffwechsel in der Pflanze wirken. Ethylen verursacht u.a. die Bildung von PR-Proteinen und Vorstufen von Phytoalexinen. Jasmonsäure hingegen beeinflusst u.a. Gene, die mit der Produktion von Phytoalexinen verbunden sind (Hallmann *et al.* 2007).

1.6 Genetische Distanz, Assoziationsstudien und Genotypisierung innerhalb von *Petroselinum crispum*

Molekulare Methoden

Molekulare Standardmethoden wie die Verwendung von „randomly amplified polymorphism DNA“ (RAPD)-, „double primer“ (dp)-RAPD-, „amplified fragment-length polymorphism“ (AFLP)- und „sequence-related amplified polymorphism“ (SRAP)-Marker bieten die Möglichkeit genotypische Beschreibungen von Arten, mittels vorrangig dominanten, nicht lokalisierten Markerbanden durchzuführen. Allen folgend beschriebenen Methoden liegt die polymerase Kettenreaktion („polymerase chain reaction“ - PCR) nach Mullis and Faloona (1987) zugrunde.

Mittels PCR können DNA-Fragmente in hoher Kopienanzahl vervielfältigt werden. Es sind lediglich wenige Sequenzinformationen von ca. 20 Nukleotiden für zwei Komponenten (Primer) notwendig, welche sich an die DNA, die als Vorlage dient, an entgegengesetzten Stellen binden. Für einen Reaktionsansatz zur PCR gehören neben den Primern die zu vervielfältigende doppelsträngige genomische DNA, die vier „Desoxynukleotidtriphosphate“ (dNTPs) dATP, dGTP, dTTP und dCTP sowie eine hitzestabile Polymerase (z.B. „*Thermus aquaticus*“ - Taq-Polymerase) in einem Puffer, welcher als Komponente Mg^{2+} -Ionen enthält.

In einem ersten Schritt wird die doppelsträngige DNA denaturiert, d.h. in einzelne Stränge gelöst. Dies geschieht in einem Reaktionsschritt, welcher bei 94–96 °C abläuft. Im zweiten Reaktionsschritt binden sich die Primer an die DNA-Einzelstränge. Man bezeichnet diesen Schritt auch als „Primerhybridisierung“ oder „Annealing“, der Schritt läuft für gewöhnlich bei Primern mit einer Länge von 20 bis 25 Nukleotiden im Temperaturbereich von 55-65°C ab.

Der dritte Reaktionsschritt, die „Elongation“, „Amplifikation“ oder u.a. auch „Polymerisation“ genannt, vollzieht sich bei 68–72 °C. Dabei setzt die Polymerase einen zur DNA-Vorlage komplementären Strang ausgehend von dem freien 3`-OH-Ende der Primer zusammen. Die Zeit für die Elongation hängt von der Länge des Fragmentes ab, welches zu vervielfältigen ist. Als Richtzeit gelten 30-60s für Fragmentlängen von einem „Kilobasenpaar“ (kbp).

Zum Ende einer PCR folgt eine Abkühlung auf 4-8°C für die Möglichkeit der stabilen Lagerung der DNA.

Alle Reaktionsschritte zusammen (Denaturierung, Annealing und Elongation) werden als Zyklus bezeichnet und unterschiedlich oft wiederholt. Eine typische PCR enthält ca. 25-40 identische Zyklen. Da die sich mit jedem PCR-Zyklus verdoppelnde DNA-Menge für den nächsten Zyklus wieder als Vorlage dient, vervielfältigt sich die DNA exponentiell (Seyffert 2003).

Eine sehr effektive Methode, die von Williams *et al.* 1990 beschrieben wurde, ist die der RAPD-Analyse. Die RAPD-Methode basiert auf der Vervielfältigung von nicht lokalisierten DNA-Abschnitten. Hierfür werden zufällig synthetisierte Nukleotidsequenzen als Start- und Endpunkte (Primer) für die Amplifikation genutzt. Die entstehenden Markerbanden folgen den Gesetzen von Mendel und können für die Erstellung von genetischen Karten verwendet werden (Williams *et al.* 1990). Nach Seyffert (2003) wurden RAPD-Marker bisher erfolgreich für die Erforschung von genetischen Distanzen, Diversitäten, aber auch für die Beschreibung erblicher Hintergründe von Resistenzausprägungen gegenüber *Phytophthora capsici* bei Paprika (*Capsicum annuum*) genutzt. Eine an die RAPD-Methodik angelehnte Variante ist die der dpRAPD-Analyse, welche von Budahn *et al.* (2008a) beschrieben wurde. Bei dieser Vorgehensweise werden zwei zufällig ausgewählte RAPD-Primer paarweise kombiniert in Anlehnung an Williams *et al.* (1990), bei dem ein Primerpaar genutzt wird. Ein möglicher Vorteil gegenüber der RAPD-Analyse liegt in einer höheren Anzahl an Markerbanden und darüber hinaus in einer größeren Menge von kleineren DNA-Fragmenten, welche vervielfältigt werden.

Eine weitere Methode der genomischen Untersuchung ist die der AFLP-Analytik, bei der nach Vos *et al.* (1995) durch eine Kombination von Restriktion mittels Enzymen und Vervielfältigung durch Primer DNA-Fragmente selektiv amplifiziert werden. Zur AFLP-Methode zählen drei Schritte.

Beginnend wird die DNA durch Restriktionsenzyme geschnitten und Oligonukleotid-Adapter werden an die Schnittstellen legiert. Folgend wird in einem zweiten Schritt nur eine Auswahl der Restriktionsfragmente amplifiziert. Die Selektion wird dadurch erreicht, dass Primer mit derselben Sequenz wie die Oligonukleotid-Adapter ergänzt um variierbar zusätzliche Basen, welche in die Restriktionsfragmentsequenz hineinreichen, verwendet werden. Im Anschluss folgt der dritte Schritt mit der Auftrennung der DNA-Fragmente auf Polyacrylamidgelen.

Möglich ist auch eine Co-Amplifikation von DNA-Fragmenten, die Restriktionsprodukte können in diesem Fall parallel, in Abhängigkeit der zur Detektion eingesetzten Technik, ausgewertet werden. Die AFLP-Methode ergibt Amplifikationsprodukte mit Nukleotidsequenzen, welche lokal nicht determiniert sind. Dadurch ist die AFLP-Technik für den Einsatz innerhalb beliebiger Genome unterschiedlichster Größe geeignet.

Eine andere Möglichkeit ergibt die SRAP-Methode nach Li und Quiros (2001), bei der zufällig synthetisierte Basensequenzen in Kombination mit genau definierten selektiven Sequenzen als Primer für die Amplifikation von DNA genutzt werden. Die Auftrennung der DNA-Fragmente erfolgt auf Acrylamidgelen. Die Marker wurden innerhalb von „rekombinanten Inzuchtlinien“ (RIL) und „Doppelhaploiden“ (DH)-Linien von Kohl (*Brassica oleracea*) getestet, wobei 45% der isolierten und sequenzierten Markerbanden bereits bekannte Gene von *Brassica oleracea* fassten. Es erwiesen sich 20% der Markerbanden als co-dominant. Nach der Erstellung einer Kopplungskarte konnte eine gleichmäßige Verteilung über das Genom festgestellt werden. SRAP-Marker wurden problemlos in anderen Kulturen wie u.a. der Kartoffel (*Solanum tuberosum*), dem Reis (*Oryza sativa*) oder Sellerie erfolgreich durch Li und Quiros (2001) eingesetzt.

Genetische Distanz

Die genetische Distanz beschreibt die Unterschiede zwischen Individuen oder Populationen durch eine Zahl und verhält sich indirekt proportional zur genetischen Verwandtschaft, welche die Ähnlichkeit des Erbgutes zweier Individuen beschreibt. Die unkorrigierte genetische Distanz (p-Distanz) basiert im Allgemeinen auf der Anzahl der Unterschiede in den Nukleotiden, relativ zur Anzahl der betrachteten Nukleotide (Knoop und Müller 2009). Eine Korrektur der genetischen Distanz muss erfolgen, wenn Mehrfachsubstitutionen der Nukleotide innerhalb der Evolution berücksichtigt werden. Für die Berechnung der korrigierten genetischen Distanz gibt es mehrere Möglichkeiten, in welche stets die p-Distanzen einfließen. Eine Variante ist die korrigierte genetische Distanz nach Nei (1972), bei deren Berechnung der genetischen Distanzen von vielen Individuen zueinander eine Distanzmatrix erzeugt wird, welche alle Distanzen der Individuen paarweise beinhaltet.

Um folgend die genetischen Distanzen mehrerer bzw. vieler Individuen graphisch abzubilden und ins Verhältnis zueinander zu setzen, kann auf der Grundlage der Distanzmatrix ein Dendrogramm aufgestellt werden. Diese Baumstruktur (Baum – lateinisch *Dendro*) versucht die Distanzen der Individuen in Abhängigkeit der gewählten mathematisch-statistischen Methode in sich zu vereinen und abzubilden. Eine übliche Methode, die für die Berechnung der Baumstruktur dieselbe Geschwindigkeit für die Änderungen verschiedener Nachfahrenlinien während der Evolution voraussetzt, ist die des „unweighted pair group method with arithmetic means“ (UPGMA) (Knoop und Müller 2009).

Die genetische Distanz zwischen zwei Individuen im Dendrogramm ist abzulesen, indem man die kürzeste Verknüpfung über die Distanzlinien von einem Individuum zum anderen sucht und die zur Skala parallel verlaufenden Linien summiert (Knoop und Müller 2009).

Assoziationsstudien und Untersuchungen zur Variabilität

Wissenschaftliche Arbeiten zu Assoziationsstudien oder auch molekulare Marker-Merkmal-Assoziationsstudien innerhalb von *Petroselinum crispum* sind in der Literatur nur eingeschränkt bzw. gar nicht vorhanden. Eine Untersuchung zur genetischen Variation innerhalb der Art *Petroselinum crispum* von Domblides *et al.* (2010) belegt, dass innerhalb einer Kollektion von 32 Petersilien-Akzessionen die Wurzel- und Blatttypen sich in zwei separaten molekulargenetischen Clustern befinden.

Jedoch gibt es nicht wenige wissenschaftliche Arbeiten in zur Petersilie verwandten Arten wie z.B. dem Koriander (*Coriandrum sativum*) oder der Möhre (*Daucus carota*), die sich mit der Variabilität und genetischen Distanzen in diesen Kulturarten auseinandersetzen (Lopez *et al.* 2008, Shim und Jørgensen 2000).

Von Cerkauskas und Chiba (1993) gibt es Ergebnisse über positive Beziehungen des Furanocumarin-Gehaltes zur Stärke des Befalls durch *Septoria petroselini* innerhalb eines Prüfsortimentes von 19 Sorten *Petroselinum crispum*. Ebenfalls fehlen von *Petroselinum crispum* Charakterisierungen bezüglich wichtiger agronomischer und morphologischer Eigenschaften sowie deren Beziehungen zueinander innerhalb repräsentativer genotypischer Sortimente.

Hingegen existieren innerhalb der Familie der *Apiaceae* bspw. zu *Daucus carota* Untersuchungen zur Variabilität bzw. zur Beziehung von Merkmalen (Asima und Jyoti 2010). Bei der Möhre wurde bspw. eine hohe Heritabilität des Merkmals Wurzelmasse, jedoch eine schwache Heritabilität für den Wurzelumfang festgestellt.

Nach Lange (2007) gibt es auch bei der Kohl- oder Steckrübe (*Brassica napus* ssp. *rapifera*) aus der Familie der *Brassicaceae* leichte bis mittlere positive Korrelationen bezüglich von Wurzelmerkmalen wie Gewicht, Durchmesser und Trockensubstanz.

Aufgrund des „Gesetzes der homologen Reihen“ sind nach Vavilov (1922) parallele Merkmalsausprägungen zwischen Kulturarten möglich, auch sind syntenische Effekte zwischen Spezies mit unterschiedlich engen Verwandtschaftsverhältnissen bekannt. So belegte z.B. Tanksley *et al.* (1992) eine sehr ähnliche genomische Struktur zwischen der Tomate (*Lycopersicon esculentum*) und der Kartoffel (*Solanum tuberosum*).

Marker-Merkmal-Assoziationsstudien

Die Assoziationskartierung wurde ursprünglich in der humanmedizinischen Forschung angewendet, da hier die Erzeugung von spaltenden Nachkommenschaften zweier Eltern und somit die „quantitativ trait locus“ (QTL)-Methode nicht möglich ist. Assoziationsstudien in der Humanmedizin dienen mittlerweile genomweit zur Ergründung komplexer Erkrankungen (Pfeufer 2006).

Grundlegend eröffnen sich zwei Ansätze für die Durchführung von Assoziationsstudien. Einerseits gibt es die Möglichkeit, molekulare Marker einzusetzen, die über das gesamte Ge-

nom relativ gleichmäßig verteilt sind. Andererseits besteht die Wahl des Kandidatengenenbasierten Ansatzes, bei dem molekulare Marker, welche innerhalb der Sequenz von Kandidatengenen markieren, überprüft werden (Zhao *et al.* 2010).

Die Vorteile von molekularen Marker-Merkmal-Assoziationsanalysen („marker trait association“ - MTA) gegenüber klassischen QTL-Segregationsanalysen in Nachkommenschaften aus biparentalen Kreuzungen liegen darin, dass man Kandidaten molekularer Marker in momentan bestehendem Pflanzenmaterial aufstellen kann, ohne Initialkreuzungen durchführen zu müssen (Buckler und Thornsberry 2002, Rafalski 2002).

MTA-Studien sind nicht wie bei biparentalen Kreuzungsnachkommenschaften begrenzt auf diejenigen Merkmale, in denen sich die Eltern unterschieden haben. Die MTA-Analyse kann sich auf eine unbekannte Menge an Merkmalen und molekularen Markern erstrecken. Somit sind die aufgestellten molekularen Markerkandidaten bzw. potentiellen Marker verwendbar für einen Großteil oder die Gesamtheit des Genpools der entsprechenden Kulturart, je nachdem wie repräsentativ der Stichprobenumfang der Spezies in der Analyse war (Buckler und Thornsberry 2002).

Durch die hohe Anzahl meiotischer Zellteilungen mit entsprechend vielen Rekombinationseignissen über die generative Entwicklung einer Einzelpflanze sind die möglichen molekularen Marker gegenüber Nachkommenschaftsanalysen aus biparentalen Kreuzungen enger an das jeweilige Merkmal gebunden. Mittels Assoziationsanalysen können bspw. quantitative Merkmale genetisch präziser lokalisiert und als effektivere Selektionsmarker eingesetzt werden (Jorde 2000, Buckler und Thornsberry 2002). Ein Kopplungsmaß lässt sich mittels Assoziationsstudien jedoch nicht bestimmen (Rode 2009).

Allerdings sollten die in einer Assoziationsanalyse aufgestellten molekularen Markerkandidaten verifiziert werden, um falsch-positive Assoziationen sukzessive zu verringern (Johrde 2010). Dies kann entweder in einer weiteren Assoziationsanalyse bspw. innerhalb einer core-collection, in einer spaltenden Nachkommenschaft oder mittels DH-Linien einer biparentalen Kreuzung geschehen. Sehr gut eignen sich für diese Überprüfungen von molekularen Markerkandidaten RILs (Link 2008). Jene Akzessionen, welche als Pflanzenmaterial die Grundlage für die Assoziationsanalyse darstellen, bilden eine Population. Die zu untersuchende Population sollte möglichst gering strukturiert sein und aus wenig verwandten Akzessionen bestehen, damit sich auf diesem Weg nicht unnötig viele falsch-positive Assoziationen aufstellen lassen (Oraguzie *et al.* 2007, Jorde 2000). Die Überprüfung der Populationsstruktur vor der notwendigen Verrechnung innerhalb der MTA-Studie ist nicht unwesentlich, um falsche Assoziationen zwischen molekularen Markern und Merkmalen zu verringern (Pritchard *et al.* 2000). Weiterhin sollte ein Mindestmaß an Variabilität bezüglich des Phänotyps bzw. wichtiger agronomischer oder anderer Merkmale innerhalb des Pflanzensortiments gegeben sein. Auch müsste die Populationsgröße ausreichend sein und darüber hinaus das gesamte Genom repräsentieren. Eine effiziente Variante für die Durchführung von MTA-Stu-

dien stellt die Verwendung von core collections dar, wie es Zhao *et al.* (2010) für Raps veröffentlichte.

Das Maß des Kopplungsungleichgewichts („linkage disequilibrium“ - LD) beschreibt die nicht-zufällige Verteilung von zwei Loci und stellt ebenfalls eine Voraussetzung für sowohl die MTA- als auch die QTL-Analyse dar. Das LD sollte in Populationen, welche für genomweite Untersuchungen genutzt werden, relativ hoch sein, um die Wahrscheinlichkeit für den Erhalt von positiven Assoziationen zwischen molekularen Markern und Merkmalen zu erhöhen.

Je enger zwei Loci aneinander liegen, desto höher ist das LD (Buckler und Thornsberry 2002).

Das LD kann von mehreren Faktoren beeinflusst werden, wie z.B. von der Populationsgröße und -struktur, der Rekombinationsrate, künstlicher oder natürlicher Selektion und chromosomaler Lokation (Oraguzie *et al.* 2007).

Eine sehr hohe Auflösung kann nur bei hohem LD innerhalb kleiner physikalischer Regionen bei gleichzeitiger Verwendung von vielen molekularen Markern erreicht werden. Für die Abdeckung kleinerer Genome wird eine Markeranzahl von 10^5 und für größere von 10^9 angenommen (Oraguzie *et al.* 2007).

In nicht weit entwickelten Populationen wie bspw. einer F_2 -Nachkommenschaft aus einer biparentalen Kreuzung ist das LD zwar hoch, würde jedoch mit zunehmender Anzahl an Generationen verhältnismäßig schnell abnehmen. In F_2 -Populationen aufgestellte molekulare Marker Kandidaten können allerdings tendenziell relativ weit vom Merkmal des Interesses entfernt und somit falsch positiv sein (Snowdon und Friedt 2004, Snowdon *et al.* 2000).

Wie Neumann *et al.* (2011) und Rothschild (2010) zeigen, können bei Vorliegen von MTAs unkartierte molekulare Marker, welche sich in hohem LD zu bereits kartierten Markern befinden, jedoch dazu beitragen, genauere Selektionsmarker zu entwickeln.

Eine Analyse der Struktur von Populationen kann mit dem Programm „structure“ (Pritchard *et al.* 2000) vorgenommen werden. Die von structure berechnete „Q-Matrix“ beinhaltet dabei Werte, die „Wahrscheinlichkeiten der einzelnen Individuen zu den Untergruppen“ (Q), welche in der Anzahl (K) nach Evanno *et al.* (2005) bestimmt wurden, repräsentieren (Bradbury *et al.* 2007).

Die durch die structure-Analyse erhaltene Q-Matrix ist als eine mögliche Voraussetzung für die weitere Verrechnung von MTAs mit bspw. der Software „TASSEL“ zu sehen. Die Einbeziehung der Q-Matrix in die MTA-Verrechnung verringert das Auftreten von falsch-positiven Assoziationen, hervorgerufen durch strukturierte Populationen.

Die Software TASSEL („trait analysis by association, evolution and linkage“) ist ursprünglich für Mais entwickelt worden. Mit diesem Statistik-Programm kann die Verrechnung von Phänotyp- mit Genotypdaten zu MTAs durchgeführt werden. Für die Berechnung von MTAs besteht bspw. die Möglichkeit, ein „mixed linear model“ (MLM) zu verwenden. Das MLM, auch als Q+K-Methode umschrieben, ist ein Verfahren, welches sehr viel Rechenkapazität bean-

spricht, jedoch die Wahrscheinlichkeit von falsch-positiv-Assoziationen nicht unerheblich senkt. In das MLM wird einerseits die Q-Matrix als fixer Effekt für die Populationsstruktur integriert. Die andererseits zu integrierende K-Matrix beschreibt mittels der einzelnen paarweisen Koeffizienten den zufälligen Effekt der Bedingung der Verwandtschaft aller Individuen innerhalb des Populationsgenpools (Bradbury *et al.* 2007).

Genotypisierung

Für die Kulturart Petersilie gibt es keine wissenschaftlichen Arbeiten zur genotypischen Kartierung bzw. zu Kopplungsanalysen. Es wurden allerdings mehrere wissenschaftliche Untersuchungen zur Petersilie als Modellpflanze vorgenommen, die sich mit Stressantworten, wie Ozon- oder Pathogenabwehrreaktionen beschäftigen. Jedoch handelt es sich bei der genannten Wirt-Parasit-Beziehung um eine Nichtwirtsreaktion (*Phytophthora megasperma* f. sp. *glycinea*). Dabei wurden Gene identifiziert, welche vermutlich eine Beteiligung an der Pathogenabwehr zeigen (Kawalleck 1991).

Weiterhin wurde bei Petersilie ein Zusammenhang bez. erhöhter Synthese von Furanocumarinen und der Infektion mit dem Nichtwirtspathogen *Phytophthora megasperma* f. sp. *glycinea* innerhalb der pflanzlichen Pathogenabwehr nachgewiesen (Jahnen und Hahlbrock 1988). Auch konnte eine gesteigerte Terpensynthese innerhalb der Stressantwort auf eine Ozonwirkung bei Petersilie belegt werden. Im Zusammenhang mit einer Stressantwort auf Ozon konnten ebenfalls verschiedene Isoenzyme des Petersilien-spezifischen PR 1 entdeckt werden Eckey (1992).

In der Kulturart Sellerie gibt es hingegen bspw. wissenschaftliche Arbeiten zu Kopplungsanalysen sowie zur genetischen Kartierung der Merkmale *Fusarium*-Befall und einjähriges Schossen (Yang und Quiros 1995, Quiros 1993, Quiros *et al.* 1987).

1.7 Zielsetzung

Um Untersuchungen zur Variabilität wichtiger morphologischer Eigenschaften und volatiler organischer Verbindungen von *Petroselinum crispum* in Bezug zum Befall ökonomisch bedeutender Pathogene sowie Marker-Merkmal-Assoziationen durchzuführen, wurde ein Sortiment aller verfügbaren Petersilien-Akzessionen im Feld angebaut und evaluiert. Um entscheidende Grundlagen für eine wertvolle Nutzung in Wissenschaft, Züchtung und letztlich einen ökonomischen sowie qualitativen Gewinn in der Produktion von Petersilie aufzeigen zu können, wurden folgende Arbeitsziele verfolgt.

1. Wie groß ist die Variabilität innerhalb der Art *Petroselinum crispum* hinsichtlich wichtiger morphologischer Merkmale, Verteilungsmustern volatiler organischer Verbindungen und dem Befall durch *S. petroselini* sowie *P. petroselini*, und gibt es Beziehungen zwischen diesen Merkmalen?
2. Beschreibung der genetischen Variabilität mittels verschiedener molekularer Markersysteme von *Petroselinum crispum*
3. Einordnung der genannten Merkmale in die genetische Variabilität von *Petroselinum crispum*
4. Aufstellung molekularer Markerkandidaten zu bedeutenden Merkmalen durch eine Assoziationsstudie
5. Einordnung der Akzessionen nach geographischen Ursprüngen in eine molekulargenetische Struktur, infraspezifische Taxa sowie deren Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini*

In einem weiterführenden Teil dieser Arbeit stellen sich Untersuchungen zur *Septoria petroselini*-Resistenz und zur Verifikation von Ergebnissen aus dem gesamten, verfügbaren Genpool von Petersilie dar. Dazu wurden einige *S. petroselini*-resistente und -anfällige Genotypen im Feld- und Klimakammertest bewertet und analysiert. Außerdem erfolgten Prüfungen von Nachkommen der ersten und zweiten Generation aus Kreuzungen von anfälligen mit resistenten Eltern in Klimakammertests. Die Arbeitsziele werden wie folgt thematisiert.

6. Gibt es gegenüber *S. petroselini* aussichtsreiche Resistenzquellen in Petersilie und wie ist die Ausprägung der Resistenz bzw. Anfälligkeit? Kann man gegebenenfalls die Resistenz erhöhen?
7. Lassen sich Beziehungen zwischen Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und dem Gehalt volatiler organischer Verbindungen aus dem gesamten Genpool von Petersilie in weiteren Feldversuchen verifizieren?
8. Entwicklung einer effektiven Kreuzungsmethodik für *Petroselinum crispum*
9. Wie ist der Erbgang der *S. petroselini*-Resistenz bzw. -Anfälligkeit in Petersilie?

2 Material und Methoden

2.1 Material

2.1.1 Pflanzenmaterial zur Untersuchung der intraspezifischen Variabilität von Petersilie

Die für die Betrachtung der Variabilität von Petersilie verwendeten 220 Akzessionen setzten sich zusammen aus 201 Prüfgliedern der Bundeszentralen *ex situ* Genbank im „Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung“ (IPK) in Gatersleben und 19 Genotypen des „Instituts für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst“ in Quedlinburg (ZGO-Q) des „Julius Kühn-Institutes“ (JKI).

Diese Akzessionen umfassten moderne und ältere Sorten, Landrasse-Material sowie sonstige Akzessionen und repräsentieren gleichzeitig das gesamte Weltsortiment von Petersilie. Die Passportdaten der Bundeszentralen *ex situ* Genbank im IPK Gatersleben der 143 Landrasse-Herkünfte gaben Aufschluss darüber, dass diese Genotypen aus insgesamt 15 Ländern, die sich über die drei Kontinente Europa, Asien und Afrika erstrecken, stammen.

Da der „Versuch-*Petroselinum crispum*“ (VPc)07/31 das Ziel verfolgte, die intraspezifische Variabilität von Petersilie zu beschreiben, wird diese Sortimentsbeschreibung in der vorliegenden Arbeit als Weltsortimentsversuch bezeichnet.

Die Herkunftsbezeichnungen mit Anbaunummer, die infraspezifischen Taxa und die geographischen Herkünfte sowie weitere Informationen aller Akzessionen sind Tabelle 7.1 zu entnehmen.

Als Außengruppe wurden zusätzlich 20 Genotypen von Sellerie in die Untersuchung einbezogen, die vom JKI bereitgestellt werden konnten (Tabelle 7.4).

2.1.2 Quellen für *Septoria*-Resistenz

Die resistenten und anfälligen Linien entstammen ursprünglich Populationen der Bundeszentralen *ex situ* Genbank im IPK Gatersleben.

Die Prüfglieder des Versuches VPc08/301 gehen auf Einzelpflanzen (EP) zurück, die zweimalig in einem Klimakammertest in der Resistenz gegen *S. petroselini* als wenig bis hoch anfällig bewertet wurden. Im Folgenden wurde diese EP mittels Selbstbestäubung vermehrt, das pro EP gewonnene Saatgut auf einer Isolierparzelle angebaut und als Blühgruppe behandelt. Somit entspringen diese EP je Herkunft einer für Resistenz oder Anfälligkeit eingeschränkten kleinen Population von 10 bis 14 EP. Die EP dieser Generation werden im Folgenden als P₁-EP bezeichnet. Nur Prüfglied 13 im Versuch VPc08/301 wurde über eine weitere Stufe selektiert, selbstbestäubt und wird somit als I₁-Linie bezeichnet. Nach dieser Generation von Pflanzen konnte weiter auf Resistenz und Anfälligkeit mit jeweils folgenden Selbstbestäubungsschritten selektiert werden.

Die Eltern der F₁-Kreuzungsnachkommen im Klimakammertest auf Resistenz gegen *S. petroselini* (08/1) entsprachen der Inzuchtstufe I₂.

Die EP in den Versuchen *S. petroselini* 08/3 und VPc09/311 waren EP von I₃ – Linien.

Die „Prüfglied“ (PG)-Zusammensetzungen des Klimakammerversuchs *S. petroselini* 08/3 sowie der beiden Freilandversuche VPc08/301 und VPc09/311 waren ähnlich, jedoch nicht identisch.

Der Weltsortimentsversuch VPc07/31, die Klimakammerversuche *S. petroselini* 08/1, 08/3 und 10/4 auf Resistenz gegen *S. petroselini* sowie die Freilandversuche VPc08/301 und VPc09/311 auf Resistenz gegen *S. petroselini* sind folgend in einer Übersicht mit dem jeweils bearbeiteten Pflanzenmaterial, der Versuchsfrage und entsprechenden Tabellenverweisen dargestellt (Tabelle [Tab.] 2.1).

Tab. 2.1: Übersicht aller für diese Dissertation genutzten Versuche mit der Art des getesteten Pflanzenmaterials, Versuchsfragen und Tabellenverweisen

Versuchsname	Art des Versuchs	Pflanzenmaterial	Kernfrage zum Versuch in dieser Arbeit	Verweis
VPc07/31 Weltsortimentsversuch	Freilandversuch	Landrasse-Material, ältere und neuere Sorten, sonstige Akzessionen	Wie groß ist die Variabilität innerhalb der Art <i>Petroselinum crispum</i> ?	Tabelle 7.1
<i>S. petroselini</i> 08/3	Klimakammerversuch	I ₃ -Linien, Populationen	Mit welchem Erfolg kann man auf <i>S. petroselinii</i> -Resistenz selektieren?	Tabelle 3.34
VPc08/301	Freilandversuch	P ₁ -eingeschränkte Populationen, I ₁ -Linie, Populationen		Tabelle 3.35
VPc09/311	Freilandversuch	I ₃ -Linien, Populationen		Tabelle 3.36
<i>S. petroselini</i> 08/1	Klimakammerversuch	F ₁ -Kreuzungsnachkommen, I ₂ -Linien, Populationen	Wie ist die Reaktion von F ₁ -Kreuzungsnachkommen von resistenten mit anfälligen Eltern auf Befall mit <i>S. petroselinii</i> ?	Tabelle 3.44
<i>S. petroselini</i> 10/4	Klimakammerversuch	F ₂ -Nachkommenschaften der F ₁ -Kreuzungsnachkommen aus <i>S. petroselinii</i> 08/1, I ₂ -Linien, Populationen	Wie ist die Reaktion von F ₂ -Nachkommenschaften von resistenten und anfälligen Eltern bezüglich der Verteilung des Befalls mit <i>S. petroselinii</i> ?	Tabelle 3.45

2.2. Methoden

2.2.1 Entwicklung von Linien mit *Septoria petroselini*-Resistenz

Nach der Prüfung auf Resistenz bzw. Anfälligkeit gegen *S. petroselini* in der Klimakammer folgte die Selektion von EP auf Resistenz oder Anfälligkeit. Die ausgewählten EP waren im Anschluss 2-4 Wochen im Gewächshaus bei 15-20°C in Töpfen mit 8 cm Kantenlänge zur Regeneration aufgestellt.

Es folgte eine künstliche Vernalisationsphase von 12 Wochen bei 2°C mit einer relativen Luftfeuchte (LF) von 40 %, einer Tageslichtphase von 8 h und einer Bewässerung nach Bedarf (ein- bis zweimal wöchentlich).

Nach der Jarowisation konnten nach dem Wechsel in Töpfe mit 10-12 cm Kantenlänge 4 Wochen im Gewächshaus bei 10-15°C zur Akklimatisierung und Regeneration der Pflanzen genutzt werden. Bis zum Beginn des Schossens wurden die EP in Pflanzcontainer umgetopft und ca. 8-10 Wochen bei 15-20°C in eine Gewächshauskabine gestellt. Innerhalb der generativen Phase folgte die Blüte über einen Zeitraum von ca. 4-6 Wochen mit Selbstbestäubung oder Erstellung von Kreuzungskombinationen. Die Temperatur hielt sich während dieser Phase nach Bedarf möglichst in einem Bereich von 18 bis 25°C. Je nach Jahreszeit wurde während der generativen Phase Zusatzbeleuchtung zur Erreichung einer Langtagphase gegeben.

Selbstbestäubung

Da Petersilie in der Natur als überwiegender Fremdbestäuber vor allem durch Insekten nicht selbststeril ist, ermöglicht sich eine Verringerung der Heterozygotie durch Selbstbestäubung. Diese wurde durch isolierte Abblüte jeder Einzelpflanze mittels perforierter Plastik-Beutel („Crispac-Tüten mit Microlochung“) erreicht, wobei zur Steigerung des Kornertrages Schmeißfliegen (*Calliphoridae*) eine Verbesserung der Bestäubung der Blüten bewirkten. Die Larven der Fliegen („Pinkies“) stammten aus dem Angelbedarfsfachgeschäft.

Die Larven wurden zum Verpuppen mit Apfelresten und ca. 1,5-2 Händen Späne oder Stroh in einen 5 Liter-Eimer geschüttet und bei ca. 20°C gelagert. Bei Bedarf ist auch eine Lagerung der Larven über 2-3 Wochen ohne große Verluste bei 2-4°C möglich. Der Eimer sollte dazu dunkel stehen und mit perforierter Folie verschlossen werden. Bis sich alle Larven komplett verpuppt hatten, dauerte es ca. 1 Woche.

Die Lagerung der Tönnchenpuppen ohne größere Verluste über 2-3 Wochen ist nach Notwendigkeit ebenfalls bei 3-7°C begrenzt möglich.

Nach der Verpuppung erfolgte die Ausbringung in die Isoliertüten der Einzelpflanzendolden. Die Puppen wurden dazu in die Tüten hinein gestreut. Bis zum Schlupf der Fliegen dauerte es ca. 5 bis 14 d. Die Temperatur in der Gewächshauskabine wurde für die Fliegen auf min-

destens 18-22°C eingestellt. In diesem Temperaturbereich sind die Fliegen agiler und somit ist eine höhere Bestäubungsquote auch wahrscheinlicher.

2.2.2 Erstellung von Kreuzungskombinationen

Da für Petersilie keine Erfahrungen bzw. Literatur zu einer Methodik für die Erstellung von Kreuzungskombinationen vorlagen, wurden teilweise Beschreibungen zu Sellerie von Kappert und Rudolf (1962) ausprobiert und mit eigenen Ideen verknüpft, um eine neue Kreuzungstechnik für Petersilie zu entwickeln. Die hier in der Beschreibung der Methodik angegebenen Zeiten sind nur Richtwerte und hängen v.a. stark von der Lichtstärke und Temperatur ab. Diese Einflussgrößen konnten allerdings im Gewächshaus, in welchem die Kreuzungsarbeiten durchgeführt worden sind, relativ gut und stabil reguliert werden.

Das Ziel der Erstellung von Kreuzungskombinationen umfasste im Allgemeinen das Einkreuzen von Resistenz gegen *S. petroselinii* in Kreuzungspartner und damit jeweils reziproke Kombinationen von Eltern, wie „resistent x resistent“, „resistent x anfällig“ und „Leistungselter x resistent“.

Im Focus der Auswertungen dieser Arbeit steht jedoch zur Untersuchung der Vererbung der Resistenz gegen *S. petroselinii* unter Punkt 3.6 die Kreuzungskombination „resistent x anfällig“. Die weiteren zuvor genannten Kreuzungskombinationen werden lediglich zur Bewertung des Kreuzungserfolges genutzt (Tabelle 3.43).

Kreuzungstechnik - Emaskulation und Bestäubung von Petersiliendolden

Emaskulation

Für die Emaskulation, die Entfernung der Antheren mit der Hand, mit folgender Bestäubung sollten die Primär- oder Sekundärdolden jeder Pflanze genutzt werden. Die Auswahl der Dolde erfolgte kurz nach dem Auffalten der Blütenblätter, wenn die Antheren sichtbar waren, die Narbenäste waren in dieser Phase noch vollkommen geschlossen und nicht gespreizt.

Zuerst wurde die ausgewählte Dolde mit Wasser besprüht, um die Pollen durch Abspülen zu entfernen oder durch einen osmotischen Schock zu inaktivieren. Die Emaskulation ausschließlich durch Abspritzen mit Wasser erschien zu unsicher, deswegen wurde die Emaskulation von Wasser in Verbindung mit einer Nachbearbeitung durch die Pinzette angewendet.

Dazu wurden die Dolden mittels Sprühflasche und relativ scharfem Wasserstrahl abgespült und mit leicht feuchtem Schwamm die Blütenblätter und Antheren vorsichtig entfernt.

Vor dem Beginn der Emaskulation mussten jene durch den bestehenden Gradienten innerhalb der Dolde zu weit entwickelten Blüten, welche die Narbenäste nicht mehr geschlossen hatten, oder die noch gering entwickelten Blüten, welche die Kronblätter nicht aufgefaltet zeigten, mit einer Pinzette entfernt.

Danach wurde die Dolde in die Hand genommen und jede Blüte, die noch Antheren oder Blütenblätter aufwies, mit einer Pinzette bearbeitet, d.h. Antheren sowie Blütenblätter vorsichtig nacheinander herauszogen. Für diesen Arbeitsschritt war die Zuhilfenahme von Daumen-, Kopf- oder Handlupe ratsam. Für gewöhnlich blieb nach dieser Vorarbeit ein Kranz von für die Emaskulation brauchbaren Blüten übrig.

Zum Abschluss der Emaskulation sollte zur Entfernung und Zerstörung von restlichem anhaftenden Pollen die Dolde mit einem scharfen Wasserstrahl abgespritzt werden. Eine schlussendliche Kontrolle der Blüten auf Antheren und Pollenreste konnte mittels Lupe und Pinzette erfolgen.

Danach wurden die emaskulierten Blüten eingetütet. Bevor mit dem Emaskulieren der nächsten Dolde begonnen werden konnte, musste der Schwamm in Wasser ausgespült werden.

Bestäubung

Die Bestäubung mit Pollen einer abgeschnittenen Vaterdolde erfolgte, wenn sich die Narbenäste des Griffels der Mutterdolde deutlich gespreizt hatten und vom Grunde an auswärts gebogen waren. Zu dem richtigen Zeitfenster glänzten die Narbenäste und der Diskus durch den Nektar deutlich und die Narbenäste waren teilweise von Nektar überzogen. Dieses Zeitfenster der Befruchtung war ca. 5 bis 8 d nach der Emaskulation.

Die für die Bestäubung zu verwendende Vaterdolde musste reif und trocken sein, der Pollen sollte bei Berührung an der Haut haften bleiben. Um eine Regulierung der Vaterdolden in ihrer Reife vorzunehmen, wurden die potentiellen Vaterdolden abgeschnitten und in geeignetem Klima aufbewahrt.

Zum Bestäuben mussten die Narben der Mutterblüte mit der Vaterdolde kräftig bestrichen werden, ohne diese zu verletzen. Je nach Arbeitskapazität konnte zur Verbesserung des Ergebnisses der Vorgang ein- bis zweimal wiederholt werden, wobei die Nutzung von trockenem Pollen zum optimalen Zeitpunkt entscheidend zu einem guten Kornansatz beitrug. Gekreuzt wurden Einzelpflanzen, nach Möglichkeit reziprok.

2.2.3 Versuche zur Prüfung der Wirtsresistenz gegen *Septoria petroselini* mit künstlicher Infektion in der Klimakammer

Die Kultivierung des Pathogens, die Herstellung von Sporensuspension und die Inokulation der Pflanzen innerhalb der Prüfung auf Resistenz gegen *S. petroselini* in der Klimakammer wurden nach der von Marthe und Scholze (1996) beschriebenen Methodik im ZGO-Q bzw. den Gewächshausanlagen des JKI in Quedlinburg durchgeführt.

Kultivierung von *Septoria petroselini*

Um *S. petroselini* zu isolieren, wurde ein befallenes Blatt mit Symptomen mittels Natriumhypochlorid (4 %-ig, bis zu 3 min), Ethanol (70 %-ig bis zu 10 min) und destilliertem Wasser (3 mal spülen) oberflächensterilisiert. Es folgte das Auslegen von Blattstücken, jeweils in direktem Kontakt mit dem Symptom, auf das Medium. Das Medium (Gemüsesaftagar) wurde aus 200 ml Gemüsesaft (Marke „Albi“); 800ml H₂O; 3,0 g/l CaCO₃; 23 g/l Agar und 0,2 g/l Streptomycin angemischt, im Autoklaven erhitzt und sterilisiert.

Nach ca. 5-10 d wuchs der Pilz auf dem Medium aus. Neben *S. petroselini* keimten teilweise auch Fremdpilze und/oder Bakterien. In solchen Fällen musste das Zielpathogen isoliert oder die entsprechende Platte verworfen werden. Keimte und wuchs *S. petroselini* bei Zimmertemperatur aus, von der einzelnen Konidie über das Hyphengeflecht zu Pyknidienanhäufungen, nahm es nochmal 5-7 Tage in Anspruch, bis Sporenschleim aus den Pyknidien austrat, über den sich der Pilz ungeschlechtlich vermehrt. Dieser Sporenschleim konnte nach Notwendigkeit wenige Male abgenommen und auf Nährmedium aufgesetzt werden, bis der Pilz in Reinkultur war.

Der Pilz in Reinkultur wurde entweder für eine Sporensuspension oder frische Pilzkultur weiter verwendet. Andernfalls bestand die Möglichkeit das Pathogen auf kleinen ausgeschnittenen Mediumwürfeln in Röhrchen bzw. die gesamte Agarschale bei -20°C für kürzere Lagerung oder bei -80°C für längere Lagerung einzufrieren. Nach Bedarf konnten diese Mediumwürfel oder Agarschalen für die weitere Verwendung wieder aufgetaut werden.

Für die Prüfungen auf Resistenz gegen *S. petroselini* fand ausschließlich das Pilzisolat „ES 14“, das unter den verfügbaren Isolaten nach Struckmeyer und Marthe (2008) die höchste Virulenz aufwies, Verwendung.

Gewinnung von Sporensuspension von *Septoria petroselini*

Für die Herstellung der Sporensuspension wurden Pilzschalen in Reinkultur von *S. petroselini* verwendet. Nach der Sporulation des Pilzes musste der Sporenschleim mit destilliertem Wasser abgespült werden. Die Einstellung der Konzentration erfolgte über eine Thoma-Zählkammer mit dem Durchlicht-Mikroskop auf ca. 1×10^6 Sporen pro ml, wofür 6-7 Sporen pro Kleinquadrat zählbar sein mussten.

Inokulation der Pflanzen

Die Inokulation der Pflanzen für die Klimakammerversuche auf Resistenz gegen *S. petroselini* vollzog sich durch gleichmäßige Verteilung der Sporensuspension auf die Pflanzen mittels Luftkompressoren über Zerstäuber. Dabei war eine permanente Homogenisierung des Inokulums zu gewährleisten.

Vom Abschluss der Inokulation bis zur Unterbringung der Pflanzen in der Klimakammer musste ein Austrocknen der Blattoberfläche vermieden werden.

Bedingungen zu den Versuchen in der Klimakammer

Die Methodik der Tests *S. petroselini* 08/1, 08/3 und 10/4 auf *S. petroselini*-Befall in der Klimakammer wurde vor allem in Anlehnung an die Angaben von Marthe und Scholze (1996) entwickelt, wobei für die Konzeption der Klimakammerversuche Angaben zur optimalen Temperatur und Luftfeuchtigkeit für *S. petroselini* von Hagner-Holler (2002) wie auch Kurt und Tok (2006) aufgegriffen werden konnten.

Der Versuch *S. petroselini* 08/3 wurde mit zwei Wiederholungen durchgeführt. Bei den Versuchen *S. petroselini* 08/1 und 10/4 erfolgte lediglich bei den Elternpflanzen und den Standards die Prüfung mit zwei Wiederholungen.

Die Pflanzen wurden unter Folientunneln in den Klimakammern des ZGO-Q im JKI getestet. Für eine ausreichende Luftfeuchtigkeit wurden die Tische, auf denen die Pflanzen standen anfangs stark gewässert.

Das Klima wurde in den ersten drei Tagen auf 18°C ohne Beleuchtung bei einer relativen Luftfeuchtigkeit von 85 % eingestellt. Die Luftfeuchtigkeit unter den Folientunneln stieg indes auf ca. 90 % an. Danach wurden die Bedingungen in der Kammer auf 14°C, 14 h Licht, 10000 Lux und eine unveränderte relative Luftfeuchtigkeit von 85 % festgesetzt.

Das Klima in Pflanzenhöhe unter den Folientunneln konnte durch Messgeräte kontrolliert werden. Die Temperatur stieg durch den Treibhauseffekt unter den Folientunneln auf ca. 23-24°C mit einer relativen Luftfeuchtigkeit von ca. 80 %. Die Dunkelphase wurde auf 10 h bei 16°C eingestellt, während der die relative Luftfeuchtigkeit ca. 96-97 % betrug. Die Bewässerung der Pflanzen während des Versuches erfolgte nach Bedarf.

2.2.4 Freilandversuche auf Resistenz gegen *Septoria petroselini* mit natürlicher Infektion

Freilandversuch VPc07/31

Der Weltsortimentsversuch VPc07/31 wurde zweiertig vom ZGO-Q des JKI in Quedlinburg und vom IPK in Gatersleben jeweils in einer Blockanlage ohne Wiederholung angebaut. Pro Parzelle standen zwei Prüfglieder zusammen, die jeweils mit einer Randreihe von der Nachbarparzelle separiert waren. Die Aussaat erfolgte am 11.04.2007 in Drillsaat mit einem Reihenabstand von 0,23 m und einer Reihenzahl von 1,50 m.

Freilandversuche VPc08/301 und VPc09/311

Die Freilandversuche VPc08/301 und VPc09/311 wurden mit jeweils 3 Wiederholungen für die Erhebung züchterisch wichtiger Eigenschaften und für die Bewertung des natürlichen

S. petroselini-Befalls in Erfurt und Quedlinburg angebaut. In der vorliegenden Arbeit unterlag lediglich der Befall durch *S. petroselini* der Betrachtung.

Die Aussaat erfolgte für den Versuch VPc08/301 am 24.04.2008 und für VPc09/311 am 03.04.2009. In beiden Versuchen erfolgte Drillsaat.

Ein Prüfglied mit 4 Reihen bildete eine Parzelle. Die 16 Parzellen jeder Wiederholung wurden in 2 Reihen angebaut und bildeten einen Block. Von den drei hintereinander angelegten Blöcken, waren die Prüfglieder der hinteren beiden Blöcke randomisiert. Zwischen allen acht Reihen des Versuches gab es einen Abstand von 1,80 m.

Jede Parzelle der zwei Versuche wurde durch jeweils links und rechts eine Randreihe der Sorte „Grüne Perle“ begrenzt. Der Reihenabstand in den Parzellen betrug 0,23 m und die Parzellenlänge 1,50 m. Der Reihenabstand und die Parzellenlänge waren in den Versuchen VPc08/301 und VPc09/311 identisch. Bewässert wurde nach Bedarf.

Auskunft über die Niederschlagsmengen und Temperaturen der Versuche VPc07/31, VPc08/301 und VPc09/311 zu den entsprechenden Versuchsjahren und Standorten gibt Tabelle 2.2.

Tab. 2.2: Niederschlagsmengen und Temperaturen in den Jahren der Versuche VPc07/31, VPc08/301 und VPc09/311 an den entsprechenden Standorten

Standort	NS 2007 Σ^*	Temp. 2007 $\bar{\varnothing}^{**}$	NS 2008 Σ^*	Temp. 2008 $\bar{\varnothing}^{**}$	NS 2009 Σ^*	Temp. 2009 $\bar{\varnothing}^{**}$
Gatersleben	554,1 mm	15,6°C	236,1 mm ^{***}	14,84°C ^{***}	287 mm ^{***}	15,78°C ^{***}
Quedlinburg	529,2 mm	15,2°C	350,2 mm	14,7°C	387,2 mm	15,4°C

*Summe der Niederschlagsmenge (1 m Höhe) April bis September,

**Mittelwert der Temperatur (2 m Höhe) April bis September

***Felder wurden der Vollständigkeit halber ergänzt, keine Versuche vorhanden

2.2.5 Bewertung des Befalls durch *Septoria petroselini* und *Plasmopara petroselini*

Auf Befall mit *S. petroselini* wurde sowohl unter natürlichen Bedingungen im Freiland (VPc07/31, VPc08/301 und VPc09/311) als auch unter künstlichen Infektionsbedingungen in der Klimakammer (*S. petroselini* 08/1, 08/3 und 10/4) getestet.

Eine ausreichende Symptomatik durch *P. petroselini* konnte nur im Versuch VPc07/31 unter natürlichen Infektionsbedingungen im Freiland festgestellt werden.

Bewertung des Befalls durch *Septoria petroselini* nach künstlicher Infektion in der Klimakammer

Bonitiert wurde in der Klimakammer nach Marthe und Scholze (1996) 21 „days past inoculation“ (dpi), notwendigerweise angepasst an die Befallsentwicklung. Eine Kontrolle des Befalls erfolgte ab 10 dpi mit sich anschließenden mehrmaligen Bonituren nach Noten pro Prüfglied und gegebenenfalls Wiederholungen. So konnte der Verlauf der Symptomatik dokumentiert werden.

Die Bonitur erfolgte nur an Blättern, nicht an Stängeln, auf denen teilweise auch *S. petroselini*-Flecken auftreten konnten. Bei der Bewertung der geschädigten Blattfläche bis zum Prozentsatz von 15 konnten Einerschritte genutzt werden. Höhere prozentuale Befallswerte wurden in Fünferschritten bonitiert (Tabellen 2.2 und 2.3).

Die Bonitur vollzog sich nur an jenen Blättern, welche infiziert worden waren und eindeutig eine Beurteilung zuließen.

In die Auswertung des Klimakammerversuches auf Resistenz gegen *S. petroselini* 08/3 flossen Werte von drei Boniturterminen ein (Tabelle 3.34), und in den Klimakammerversuchen 08/1 (F_1 -Kreuzungsnachkommen) sowie 10/4 (F_2 -Nachkommenschaften) auf Resistenz gegen *S. petroselini* wurde jeweils einmal bonitiert (Tabelle 3.44 und 3.45).

Bewertung des Befalls durch *Septoria petroselini* nach natürlicher Infektion im Freiland

Die Termine der Bewertungen des Befalls durch *S. petroselini* für VPc08/301 und VPc09/311 sind in den Tabellen 3.35 und 3.36 dargestellt. In den Freilandresistenzversuchen VPc08/301 und VPc09/311 erfolgten drei bzw. fünf Bonituren, zu denen kein Pathogen außer *S. petroselini* nennenswerten Befall zu verzeichnen hatte. Da für VPc08/301 und VPc09/311 nur am Standort Quedlinburg ausreichender Befall durch *S. petroselini* zu verzeichnen war, konnte auf den Standort Erfurt in der vorliegenden Arbeit nicht eingegangen.

Bewertung des Befalls durch *Septoria petroselini* und *Plasmopara petroselini* nach natürlicher Infektion im Freiland

Alle auftretenden Krankheiten unterlagen im Weltsortimentsversuch-Petersilie der Erfassung. Geordnet nach der Befallsstärke waren das *Septoria*-Blattflecken, falscher Mehltau, echter Mehltau, *Alternaria*-Blattflecken und *Sclerotinia*-Fäule. Bakterielle und viröse Symptome waren ebenfalls zu beobachten.

Für die weitere Betrachtung in der vorliegenden Arbeit beschränkte sich die Sicht auf *S. petroselini* und *P. petroselini*, da diese beiden Schaderreger den stärksten Befall aufwiesen.

Im Weltsortiment-Petersilie wurde zweimal bonitiert, am 03.07.2007 und 20.09.2007 in „Quedlinburg“ (QLB) sowie am 04.07.2007 und 21.09.2007 in „Gatersleben“ (GAT), wobei beim ersten Termin kein nennenswerter Befall von Pathogenen zu verzeichnen war und somit ausschließlich die Boniturnoten zum zweiten Termin verrechnet werden konnten (Tabelle 7.1). Zwar wurde sich in den einführenden Auswertungen zu dieser Arbeit auf beide Versuchsstandorte, bei den weiterführenden Kalkulationen jedoch nur auf die Boniturnoten des Standortes Quedlinburg gestützt.

Die Bewertung des Befalls geschah mit Noten, denen folgender Schlüssel zugrunde lag (Tabelle 2.3).

Tab. 2.3: Boniturschlüssel für den Befall durch *S. petroselinii* und *P. petroselinii*

Boniturnote*	Definition
0	ohne jede Läsion, befallsfrei
1	vereinzelt sehr kleine Symptome an wenigen Blättern, viele Pflanzen befallsfrei, Blattfläche der Parzelle darf bis 1 % Befall aufweisen
3	deutlich ausgeprägte Läsionen im Bereich unterständiger Blätter, nesterweiser oder durchgehend schwacher Befall der Parzelle, Blattfläche der Parzelle darf bis 5 % Befall aufweisen
5	stärkerer Befall älterer unterständiger Blätter, junge Blätter nur teilweise und wenig befallen, kein durchgehend hoher Befall der Parzelle, Blattfläche der Parzelle darf bis 20 % Befall aufweisen
7	junge oberste Blätter stark befallen, alle Pflanzen pro Parzelle befallen; Blattfläche der Parzelle weist über 20 % Befall auf
8	alle Blätter stark befallen, alle Pflanzen pro Parzelle befallen; Blattfläche der Parzelle weist über 40 % Befall auf

*Boniturnote 9 steht für vollkommen abgestorbene Pflanzen, was nie beobachtet werden konnte

Ergänzend zu Punkt 2.2.5 ist zu bemerken, dass für die Versuche VPc08/301, VPc09/311 und *S. petroselinii* 08/3, bei denen mehrere Boniturtermine für den *S. petroselinii*-Befall verrechnet werden konnten, nach einer Transformation der Boniturnoten zu den Terminen in prozentuale Befallswerte der Blattfläche (Tabelle 2.4) für jeden Genotypen eine mittlere „area under the disease progress curve“ (AUDPC) berechnet wurden, die als tägliches prozentuales Befallsmaß der Blattfläche für die Auswertungen verwendet wird (Moll *et al.* 2000). Für eine bessere Differenzierung ergänzten ein „+“ oder „-“ die Noten bei den Bonituren als Tendenz. Entsprechende Zu- oder Abschläge um 20 % des prozentualen Befallswertes der Blätter ohne Tendenz mussten berücksichtigt werden.

Tab. 2.4: Transformationsschlüssel von Boniturnoten mit / ohne Tendenz in prozentuale Werte des Blattbefalls

Boniturnote = prozentuale Blattbefallsfläche	Boniturnote mit Tendenz „+“ = prozentuale Blattbefallsfläche	Boniturnote mit Tendenz „-“ = prozentuale Blattbefallsfläche
0 = 0 %	/	/
1 = 0,5 %	1+ = 0,4 %	1- = 0,6 %
3 = 3 %	3+ = 2,4 %	3- = 3,6 %
5 = 12,5 %	5+ = 10 %	5- = 15 %
7 = 30 %	7+ = 24 %	7- = 36 %
8 = 55 %	8+ = 44 %	8- = 66 %

2.2.6 Erfassung und Auswahl morphologischer Merkmale sowie taxonomische Klassifikation des Weltsortimentsversuches-Petersilie

Die Auswahl der morphologischen Merkmale glattes / krauses Blatt, Verholzung / Nichtverholzung der Wurzel, verdickter, rübenförmiger / nicht verdickter Wurzelkörper für die Datenanalyse innerhalb des Weltsortimentsversuches-Petersilie erfolgte aufgrund hoher „Heritabilität“ (h^2) und Bedeutung für die Charakterisierung der intraspezifischen Variabilität der Petersilie. Die Berechnungen für den Ergebnisteil wurden bis auf die Primärdatenbeschreibung mit den Boniturnoten der Wurzelverholzung und Wurzelverdickung des Standortes Quedlinburg sowie für die Blattkräuselung des Standortes Gatersleben erstellt.

Weitere morphologische Merkmale, die erfasst worden sind, hier jedoch aufgrund der Zielsetzung dieser Arbeit nicht betrachtet wurden, sind u.a. die Blattstiellänge, die Blatfiederung, der Habitus, die Blattfarbe und die Blattoberflächenerscheinung.

Die Merkmale glattes / krauses Blatt (Blattkräuselung), Verholzung / Nichtverholzung der Wurzel (Wurzelverholzung), verdickter, rübenförmiger / nicht verdickter Wurzelkörper (Wurzelverdickung) aller Akzessionen sind in Tabelle 7.1 und alle weiteren Merkmale in Declercq (2009) gezeigt.

Die in dieser Arbeit ausgewerteten morphologischen Merkmale Blattkräuselung, Wurzelverholzung und Wurzelverdickung aus Gatersleben und Quedlinburg wurden in Kooperation von Fr. Dr. Lohwasser der „Arbeitsgruppe“ (AG) Ressourcengenetik und Reproduktion der Bundeszentralen *ex situ* Genbank im IPK Gatersleben nach dem Boniturschlüssel aus Tabelle 2.5 bereitgestellt.

Tab. 2.5: Boniturschlüssel für morphologische Merkmale*

Merkmal	Boniturnote	Definition
Blattkräuselung	1	glatt, keine Kräuselung
	2	leicht gekräuselt
	3	dicht gekräuselt, kraus
	4	Blattunterseite nach oben gedreht
Wurzelverdickung	0	fehlend
	1	vorhanden
Wurzelverholzung	0	fehlend
	1	vorhanden

*nach Declercq (2009)

Eine Übersicht über die in der vorliegenden Arbeit verwendete taxonomische Klassifizierung nach Danert (1959) gibt Tabelle 2.6.

Tab. 2.6: Taxonomisches System nach Danert (1959), ohne Erwähnung der Formen

Konvarietät	Beschreibung	Varietät	Beschreibung
<i>crispum</i>	Wurzel dünn, spindelförmig, holzig, ungenießbar; Schnittpetersilie	<i>silvestre</i>	Blattstiele und Blattrippen stark verholzt; Wildform
		<i>neapolitanicum</i>	Blattstiele und Blattrippen kaum verholzt Blattstiele stark verlängert; Kulturformen
		<i>vulgare</i>	Blattstiele und Blattrippen kaum verholzt Blattstiele nicht verlängert; Kulturformen
		<i>crispum</i>	Fiedern mit krausem Rand oder falls tief eingeschnitten, Zahl der Zipfel stark vermehrt
<i>radicosum</i>	Wurzel verdickt, rübenförmig, kaum verholzt, schmackhaft; Wurzelpetersilie	<i>tuberosum</i>	Blätter flach
		<i>erfurtense</i>	Blätter kraus, Wurzel verlängert

2.2.7 Erfassung und Auswahl volatiler organischer Verbindungen

Die Probennahmen für die Analyse der volatilen organischen Verbindungen für den **Versuch VPc08/301** erfolgten am 16.07.2008 und für den **Versuch VPc09/311** am 10.07.2009.

Im VPc08/301 flossen zwei technische Wiederholungen bei einer agronomischen Wiederholung in die Analyse ein. Für die entsprechenden Prüfglieder 7, 8 und 12 konnten zusätzlich 3 agronomische Wiederholungen verwendet werden.

Für VPc09/311 konnten ebenfalls zwei technische Wiederholungen bei einer agronomischen Wiederholung umgesetzt werden.

Im **Weltsortimentsversuch-Petersilie VPc07/31** erfolgten die Probennahmen für die Analyse der volatilen organischen Verbindungen am Standort Quedlinburg zum Termin 05.07.2011.

Für VPc07/31 fand für die Analytik eine technische Wiederholung Verwendung.

Insgesamt konnten im Weltsortimentsversuch-Petersilie 30 bekannte und 102 unbekannte volatile organische Verbindungen detektiert werden. Nur jene Substanzen der insgesamt 132 VOCs hatten Zugang zu den Auswertungen, welche in mindestens 75 % der Akzessionen einen Gehalt größer als Null aufwiesen.

Für folgende 24 bekannte Substanzen: Sesquiphellandren*, p-Menthenol*, Terpinenol*, (Z)3-Hexenol*, (γ)-Terpinen*, (β)-Phellandren, Cymenol*, Copaen, Carotol, Coumaran, Myristicin*, Sabinen, cis-Ocimen, (α)-Pinen, Linalool, β -Pinen, Terpinolen, Menthatrien, Limonen, (β)-Ionon, Dimethylstyrol*, (β)-Myrcen*, (E)2-Hexenal* und Hexanal* sowie 18 nicht identifizierte Substanzen, welche mit einem kleinen a und einer laufenden Nummer der Analyse gekennzeichnet sind: a75*, a76*, a3, a59, a4, a29, a52, a7, a22, a98, a74, a53, a40*, a86, a95*, a80*, a62 und a82, trifft dieses Kriterium zu.

Die komplette Übersicht der 219 Akzessionen für die Gehalte aller 132 Substanzen ist im Anhang dargestellt (Tabelle 7.2).

Die volatilen organischen Verbindungen wurden zu den morphologischen Merkmalen Blattkräuselung, Wurzelverholzung und Wurzelverdickung sowie den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* in Korrelation gebracht. Die jeweils drei zu den zuvor genannten morphologischen Merkmalen am besten positiv oder negativ korrelierenden Substanzen konnten für die weiteren Analysen dieser Arbeit verwendet werden.

Diese Herangehensweise führte zu einer Auswahl von 16 Substanzen, die in der oberen Aufzählung mit einem Sternchen („*“) markiert sind und in den durchgeführten Auswertungen unter Betrachtung der Beziehungen zu den Befallsmustern von *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie den morphologischen Merkmalen Blattkräuselung, Wurzelverholzung und Wurzelverdickung näher betrachtet wurden.

Die Korrelationstabelle aller 42 Substanzen mit einem Gehalt größer Null in ≥ 75 % der Akzessionen zu den Merkmalen Blattkräuselung, Wurzelverholzung und Wurzelverdickung so-

wie den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* ist im Anhang dargestellt (Tabelle 7.3).

Die Freilandresistenzversuche VPc08/301 und 09/311 dienen unter Punkt 3.5 der Überprüfung der Beziehungen zwischen den vier zu den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie den molekularen Clustern jeweils positiv und negativ am besten korrelierenden VOCs unter Punkt 3.1. Es sind 11 VOCs, die aufgrund der Beziehungen im Weltsortimentsversuch-Petersilie zu den oben genannten Merkmalen mittels der Versuche VPc08/301 und VPc09/311 überprüft wurden. Die Gehalte der genannten 11 VOCs der Prüfglieder aus den Versuchen VPc08/301 und VPc09/311 sind in den Tabellen 7.12 und 7.13 dargestellt.

Die Analyse der volatilen organischen Verbindungen erfolgte für die Versuche VPc07/31, VPc08/301 und VPc09/311 nach einer Methodik, die bei Ulrich *et al.* (2011) beschrieben wurde. Die in dieser Arbeit verwendeten Daten der flüchtigen Substanzen konnten in Kooperation von der AG Dr. Ulrich des „Instituts für Ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz“ (ÖPV) im JKI - Quedlinburg erhoben werden, wobei die Untersuchung mittels „headspace solid phase microextraction“ (HS-SPME) über Bindung der VOCs an eine Glasfaser und Analyse durch „Gaschromatographie“ (GC) gekoppelt mit „Massenspektroskopie“ (MS) erfolgte.

Die Probenvorbereitung geschah nach dem Auftauen des Pflanzenmaterials durch Homogenisierung von einem Masseteil Petersilie und drei Volumenteilen 20%-iger Natriumchlorid-Lösung (Masse zu Volumen) für eine Minute in einem „Waring Blendor“. Anschließend erfolgte die Filtrierung des Homogenats. Für jede Probe wurden vier „headspeace-Fläschchen“ mit 4 g Natriumchlorid bis zur Sättigung mit einem 10 ml Aliquot des Überstandes gefüllt und durch eine magnetische Bördelkappe einschließlich Septum verschlossen.

Für die automatisierte HS-SPME-GC wurde eine 100 µm Polydimethylsiloxan-Faser (Fa. Supelco, Bellefonte, PA, USA) genutzt. Nach einer Gleichgewichtszeit von 10 min bei 35°C (300 Umdrehungen pro min) folgte die Extraktion mit 15 min bei 35°C. Die Desorption schloss sich mit 2 min im „Splitless-“ und 3 min im „Split-Betrieb“ bei 250°C an. Ein GC (Agilent Technologies 6890) ausgestattet mit MPS2 Autosampler der Fa. Gerstel (Mühlheim, Deutschland), eine Säule (HP INNOWax) mit 0,25 mm ID, 30 m Länge und 0,5 µm Filmdicke und ein „Flammenionisationsdetektor“ (FID) waren Komponenten der Chromatographie. Als Trägergas wurde Wasserstoff mit einer Flussrate von 1,1 ml/min verwendet. Das Temperaturprogramm setzte sich wie folgt zusammen: 45°C (5 min), von 45 bis 210°C mit einer Steigerung von 5 K/min und 15 min bei 200°C. Die flüchtigen Substanzen wurden durch Parallellauf in „massenspektrometrischer Analyse“ (GC/MS) identifiziert und durch Retentionsindizes beschrieben.

Die Datenverarbeitung vollzog sich durch einen nicht zielgerichteten bzw. ganzheitlichen Ansatz (Mustererkennung) mittels der handelsüblichen Software (Chromstat Version 2.6).

Der Datenimport für die Mustererkennung erfolgte über die Rohdaten des „percentage reports“. Diese Art der Datenverarbeitung berücksichtigt alle detektierbaren Analyse-Spitzen ohne Ausschlagzuordnung oder –identifikation, wobei nur jene in die Auswertung einbezogen wurden, welche größere Werte als das 10-fache des Hintergrundrauschens (Schwellenwert) und somit höhere Gehalte als Null aufwiesen.

2.2.8 Erhebung der molekulargenetischen Merkmale

Die molekularen Analysen konnten größtenteils von der AG Dr. Budahn des ZGO-Q im JKI kooperativ übernommen werden.

DNA-Isolierung und molekulargenetische Methoden

Nach der Probenahme von ca. 10 Pflanzen der einzelnen Petersilienpopulationen für den Versuch VPc07/31 am Standort Quedlinburg wurde aus Mischproben nach der Methode von Porebski *et al.* (1997) Gesamt-DNA isoliert. Zur Durchführung der Nachweise auf Kreuzungsnachkommenschaft für den Versuch *S. petroselinii* 08/1 wurden Blattproben der entsprechenden Pflanzen im Gewächshaus des JKI in Quedlinburg genommen.

Die folgenden Beschreibungen wurden speziell für VPc07/31 erstellt, gelten jedoch hinsichtlich der RAPD- und dpRAPD-Methodik auch für den Versuch *S. petroselinii* 08/1.

Von 153 für die genetischen Untersuchungen zufällig ausgewählten und getesteten Primern bzw. Primerkombinationen der genutzten RAPD-, dpRAPD-, AFLP- und SRAP-Markersysteme eigneten sich 28 für eine deutliche und konsistente Auswertung, die innerhalb der 219 Petersilien-Genotypen und 20 Sellerie-Akzessionen zu 205 verwendbaren polymorphen Markerbanden führten.

Die RAPD-Analyse folgte der Methode von Williams *et al.* (1990) und die dpRAPD-Analyse dem Protokoll von Budahn *et al.* (2008). Für den Ansatz zur Amplifikation (Mastermix) waren für bspw. 240 Proben a 6 µl (1,6 µl DNA und 4,4 µl des aufgeführten Ansatzes) Volumina und Konzentrationen der Komponenten nutzen, die in Tabelle 2.7 dargestellt sind. Bei der Anwendung von dpRAPD-Markern kam zusätzlich ein zweiter Primer (*) und entsprechend geringere Volumina „doppelt destilliertes Wasser“ (ddH₂O) zum Einsatz.

Tab. 2.7: Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix sowie DNA zur RAPD- und dpRAPD*-Analyse

Komponenten	Konzentration - Stammlösung	Volumina	Endkonzentration
ddH ₂ O	-	710,4 (638,4)* µl	-
PCR-Puffer (mit NH ₄) ¹	10 x	144 µl	1,0 x
MgCl ₂ ¹	50 mM	72 µl	2,5 mM
dNTP-Mix ¹	50 mM (jeweils 12,5 mM)	28,8 µl	1,0 mM

Tab. 2.7: fortgesetzt

Komponenten	Konzentration - Stammlösung	Volumina	Endkonzentration
Taq-Polymerase ¹	5U/µl	28,8 µl	0,10 U/µl
Primer 1 ²	10 µM	72 µl	0,5 µM
(Primer 2) ^{2*}	(10 µM)*	(72 µl)*	(0,5 µM)*
DNA	8 ng/µl	384 µl	2,13 ng/µl

Summe 1440,0 µl
(Gesamtvolumen für 240 Proben)

¹Fa. Invitac, ²Fa. Eurofins MWG/Operon GmbH (Ebersberg)

Bei den RAPD- und dpRAPD-Primern verlief der PCR-Zyklus wie folgt:

2 min bei 94°C, 45x(0,5 min bei 94°C, 0,5 min bei 35 °C, 1 min bei 72°C), 10 min bei 72°C, zur Denaturierung für Polyacrylamidgele: 5 min bei 95°C, 4°C zur Lagerung.

Es folgt eine Auflistung der genutzten RAPD-Primer und dpRAPD-Primerkombinationen mit den jeweiligen Sequenzen (Tabelle 2.8).

Tab. 2.8: Bezeichnungen der verwendeten RAPD- und dpRAPD-Primer mit Sequenzen

verwendete Primer	Sequenz – vom 5-' zum 3'-Ende
OPA-02	TGC CGA GCT G
OPA-03	AGT CAG CCA C
OPA-07	GAA ACG GGT G
OPB-01	GTT TCG CTC C
OPA-01 und OPA-02	CAG GCC CTT C und TGC CGA GCT G
OPA-03 und OPA-04	AGT CAG CCA C und AAT CGG GCT G
OPA-05 und OPA-06	AGG GGT CTT G und GGT CCC TGA C
OPA-07 und OPA-08	GAA ACG GGT G und GTG ACG TAG G
OPA-09 und OPA-10	GGG TAA CGC C und GTG ATC GCA G
OPA-11 und OPA-12	CAA TCG CCG T und TCG GCG ATA G
OPA-13 und OPA-14	CAG CAC CCA C und TCT GTG CTG G
OPA-15 und OPA-16	TTC CGA ACC C und AGC CAG CGA A
OPA-17 und OPA-18	GAC CGC TTG T und AGG TGA CCG T
OPA-19 und OPA-20	CAA ACG TCG G und GTT GCG ATC C

Die SRAP-Analyse erfolgte nach dem Protokoll von Li und Quiros (2001).

Für den Ansatz zur Amplifikation wurden für bspw. 240 Proben a 6 µl (1,6 µl DNA und 4,4 µl des aufgeführten Ansatzes) Volumina und Konzentrationen folgender Komponenten einschließlich der DNA verwendet (Tabelle 2.9 - analog zur dpRAPD-Methodik).

Tab. 2.9: Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix sowie DNA zur SRAP-Analyse

Komponenten	Stammlösung - Konzentration	Volumina	Endkonzentration
ddH ₂ O	-	638,4	-
PCR-Puffer (mit NH ₄) ¹	10 x	144 µl	1,0 x
MgCl ₂ ¹	50 mM	72 µl	2,5 mM
dNTP-Mix ¹	50 mM (jeweils 12,5 mM)	28,8 µl	1,0 mM
<i>Taq</i> -Polymerase ¹	5U/µl	28,8 µl	0,10 U/µl
Primer 1 ²	10 µM	72 µl	0,5 µM
Primer 2 ²	10 µM	72 µl	0,5 µM
DNA	8 ng/µl	384 µl	2,13 ng/µl

Summe 1440,0 µl
(Gesamtvolumen für 240 Proben)

¹Fa. Invitac, ²Fa. Carl Roth GmbH & Co. KG (Karlsruhe)

Der Zyklus der PCR wurde bei den SRAP-Primern wie folgt gewählt:

2 min bei 94°C, 5x(1 min bei 94°C, 1 min bei 35 °C, 1 min bei 72°C), 35x(1 min bei 94°C, 1 min bei 50°C, 1 min bei 72°C), zur Denaturierung für Polyacrylamidgele: 5 min bei 95°C, 4°C zur Lagerung.

Die für die SRAP-Analyse verwendeten Primer mit den Sequenzen sind in Tabelle 2.10 abzulesen.

Tab. 2.10: Bezeichnungen der verwendeten SRAP-Primer mit Sequenzen

verwendete Primer	Sequenz – vom 5-' zum 3'-Ende
me1 und em2	TGA GTC CAA ACC GGA TA und TGA GTC CAA ACC GGA GC
me1 und em3	TGA GTC CAA ACC GGA TA und TGA GTC CAA ACC GGA AT
me1 und em4	TGA GTC CAA ACC GGA TA und GAC TGC GTA CGA ATT TGA
me1 und em5	TGA GTC CAA ACC GGA TA und GAC TGC GTA CGA ATT AAC
me1 und em6	TGA GTC CAA ACC GGA TA und GAC TGC GTA CGA ATT GCA
me1 und em15	TGA GTC CAA ACC GGA TA und GAC TGC GTA CGA ATT CTG
me1 und em17	TGA GTC CAA ACC GGA TA und GAC TGC GTA CGA ATT CGG
me2 und em18	TGA GTC CAA ACC GGA GC und GAC TGC GTA CGA ATT AAG
me3 und em1	TGA GTC CAA ACC GGA AT und TGA GTC CAA ACC GGA TA
me3 und em7	TGA GTC CAA ACC GGA AT und GAC TGC GTA CGA ATT ATG

Die Auftrennung der amplifizierten Fragmente erfolgte bei der RAPD-, dpRAPD und SRAP-Methodik auf 4 %-igen Polyacrylamidgelen (pro Gel: 10 ml Rotiphorese Gel 30 der Fa. Roth; 64,8 ml Harnstoffdiluent [84,0 g Harnstoff; 18,7 g 10 x TBE; 73,4 g ddH₂O]; 385 µl APS; 75 µl Temed) in einer Sequigene GT, 38 x 50 cm Apparatur (BIO-RAD) mit anschließender Silberfärbung (Bassam *et al.* 1991). Es wurden je Probe 6 µl DNA mit 6 µl Ladepuffer gemischt und anschließend 5 µl davon aufgetragen. Die Auftrennung der Fragmente erfolgte unter folgenden Laufbedingungen: Arbeitstemperatur von ca. 40°C; Vorlauf bei elektrischer Leistung von 40 W für 10 min; anschließende Auftrennung mit 100 W für 3 h.

Die AFLP-Amplifikationen erfolgten mit leichten Änderungen in der Methodik dem Protokoll von Vos *et al.* (1995). Die Auftrennung und Detektion der amplifizierten Fragmente passierte auf 6,5 %-igen Polyacrylamidgelen (pro Gel: 30 ml Long Ranger Lösung der Fa. Lonza; 25 µl Temed; 180 µl APS) mittels eines Licor 4300S. Dazu waren je Probe 8 µl Ladepuffer (Pararosanilin) mit 1 µl DNA zu mischen, um davon folgend 0,6 µl aufzutragen.

Als Restriktionsenzyme für die AFLP-Methode wurden MseI (aus *Micrococcus species* mit Nummer), ein sogenannter „frequent cutter“ mit vier Basen als Erkennungssequenz und EcoRI (aus *Escherichia coli* mit Stamm und Nummer), ein Enzym, das aufgrund der 6 Basen als Erkennungssequenzen seltener schneidet, genutzt.

Es wurden je Probe 23 µl Mastermix und 2 µl DNA (125 ng/µl) gemischt. Der Restriktionsverdau erfolgte bei 37°C über Nacht und schloss mit einer 15 minütigen Erwärmung bei 70°C ab.

Die kalkulierte Probenanzahl für den folgenden Ansatz betrug 240 (Tabelle 2.11).

Tab. 2.11: Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix sowie DNA zur Restriktion der AFLP-Analyse

Komponenten	Stammlösung - Konzentration	Volumina	Endkonzentration
ddH ₂ O	-	4830 µl	-
10 x Puffer („One-Phor-All“) ¹	10 x	600 µl	1 x
EcoRI ¹	20 U/µl	30 µl	0,1 U/µl
MseI ¹	10 U/µl	60 µl	0,1 U/µl
DNA	125 ng/µl	480 µl	10 ng/µl

Summe 6000 µl
(Gesamtvolumen für 240 Proben)

¹Fa. New England Biolabs

Zur Kontrolle des Restriktionsverdaus wurden einige Proben auf 1,0 %-igen Agarose-Gelen (pro Gel: 1 g Agarose der Fa. Roth; 100 ml 0,5 x TBE Puffer) aufgetragen, 8 µl DNA und 2 µl Ladepuffer kamen je Probe zur Anwendung. Die Auftrennung der Fragmente erfolgte unter folgenden Laufbedingungen: elektrische Spannung von ca. 100 V (maximal 10 V/cm Länge des Gels). Die Färbung der Gele vollzog sich mittels Ethidiumbromid.

Zur Ligation waren je Probe 12,5 µl Mix und 12,5 µl des Restriktionsverdaus zu je 25 µl zu mischen. Mit dem Adapter-Ligationsmix wurden EcoRI Adapter mit den Sequenzen 5'CTCGTAGACTGCGTACC, CATCTGACGCATGGTTAA-5' und MseI Adapter 5'-GACGATGAGTCCTGAG; TGCTACTCAGGACTCAT-5' verwendet (Vos *et al.* 1995).

Der folgende Mix kalkulierte 240 Proben (Tabelle 2.12).

Tab. 2.12: Volumina und Komponenten für einen Mix zur Ligation der AFLP-Analyse

Komponenten für Mix	Volumina
Adapter-Ligations Mix ¹	2880 µl
T4 DNA Ligase ¹	120 µl

¹Fa. Invitrogene

Danach wurden die Proben 5h bei 20°C ligiert. Im Anschluss folgte eine 1:10 Verdünnung mit ddH₂O.

Für die Preamplifikation war ein „Pre-amp Primer Mix I“ mit zwei AFLP-Primern zu verwenden, wovon jeder eine selektive Base (EcoRI+A, 5'-GACTGCGTACCAATTC(A)-3'; MseI+C, 5'-ATGAGTCCTGAGTAA(C)-3') besaß.

Für jede Probe mussten 11,3 µl Mastermix und 1,2 µl Ligationsprodukt (1:10 verdünnt) zu je 12,5 µl gemischt werden. Für den aufgeführten Mastermix zur Preamplifikation lagen 240 Proben als Kalkulationsparameter zugrunde (Tabelle 2.13).

Tab. 2.13: Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix zur Preamplifikation der AFLP-Analyse

Komponenten für Mastermix	Stammlösung - Konzentration	Volumina
Pre-amp Primer Mix I ¹	-	2400 µl
PCR-Puffer (mit MgCl ₂) ²	10 x	300 µl
Taq-Polymerase ²	5 U/µl	12 µl

¹Fa. Invitrogen, ²Fa. Qiogene

Die PCR-Programmierung zur Preamplifikation geschah wie folgt: 5 min bei 94°C, 20x(0,5 min bei 94°C, 1 min bei 56°C, 1 min bei 72°C), der letzte Zyklus wurde erweitert um 10 min bei 72°C. Zur Denaturierung für Polyacrylamidgele folgten abschließend: 5 min bei 95°C, 4°C.

Danach erfolgte eine 1:50 Verdünnung des Preamplifikationsproduktes. Zur Kontrolle wurden einige Proben auf 1,0 % -igen Agarose-Gelen bezüglich der Auftrennung der amplifizierten Fragmente getestet, wofür 5 µl DNA und 2 µl Ladepuffer je Probe zur Anwendung kamen. Bei guter Auftrennung erfolgte die selektive Amplifikation, wofür Primer mit drei selektiven Basen genutzt wurden.

Die Kernsequenzen der Primer setzen sich wie folgt zusammen: für EcoRI+3 (5'-GACTGCGTACCAATTCANN-3' und für MseI+3 (5'-ATGAGTCCT GAGTAACNN-3'). „N“ steht hierbei für ein definiertes „Nukleotid“.

Die Sequenzen der selektiven Basen dieser Primerkombinationen sind in Tabelle 2.14 zu sehen.

Tab. 2.14: Verwendete Primerkombinationen mit je einer selektiven Base zur selektiven Amplifikation der AFLP-Analyse

verwendete EcoRI-Primer	verwendete MseI-Primer	Fluoreszenz der EcoRI-Primer (nur EcoRI-Primer sind Fluoreszenz-markiert)
E-AAT	M-CCC	IR-800
E-ACG	M-CTA	IR-700
E-AAT	M-CCT	IR-800
E-ACG	M-CAC	IR-700

Für die selektive Amplifikation wurden je Probe 4 µl Mastermix und 2 µl des verdünnten Preamplifikationsproduktes (1:50) zu je 6 µl gemischt. Der kalkulierte Probenumfang lag bei 240 (Tabelle 2.15).

Tab. 2.15: Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix zur selektiven Amplifikation der AFLP-Analyse

Komponenten für Mastermix	Stammlösung - Konzentration	Volumina
ddH ₂ O	-	544,8 µl
PCR-Puffer (mit NH ₄) ¹	10 x	144 µl
MgCl ₂ ¹	50 mM	144 µl
dNTP ¹	50 mM (jeweils 12,5 mM)	12 µl
EcoRI+3-Primer ²	10 µM	9,6 µl
MseI+3-Primer ²	10 µM	96 µl
Taq-Polymerase ¹	5 U/µl	9,6 µl

¹Fa. Invitex, ²Fa. Metabion

Die PCR zur selektiven Amplifikation erfolgte nach folgender Temperatureinstellung: jeweils ein Zyklus von: 0,5 min bei 94°C, 0,5 min bei 65°C, 1 min bei 72°C, im Folgenden 12 Zyklen, bei denen die Annealing-Temperatur schrittweise jeweils eine Absenkung um 0,7°C erfuhr. Es folgten 24 identische Zyklen von 0,5 min bei 94°C, 0,5 min bei 65°C, 0,5 min bei 72°C, der letzte Zyklus erweiterte sich um 10 min bei 72°C, danach zur Denaturierung für Polyacrylamidgelen um 5 min bei 95°C. Anschließend wurde die Temperatur zur Lagerung auf 4°C gesenkt.

Die Amplifikationen der DNA durch PCR erfolgten bei der RAPD-, dpRAPD-, SRAP- sowie der AFLP-Methodik in Thermocyclern der Baureihe „GeneAmp PCR System 9700“ des Herstellers „PE Applied Biosystems“.

Die Auftrennung der amplifizierten Fragmente geschah bei allen molekularen Analyse-Methoden auf denaturierenden Polyacrylamidgelen. Die Anwendung von Agarose-Gelen kam lediglich für Auswertungen von Teilschrittergebnissen (Restriktion und Preamplifikation) bei der AFLP-Analyse zur Anwendung.

2.2.9 Mathematisch-statistische Anwendungen

Die für die Berechnung der **Heritabilität**, welche im weiteren Sinn durch die Formel $h^2 = \text{Varianz}_{\text{genetisch}} / \text{Varianz}_{\text{phänotypisch}}$ (Seyffert 2003) beschrieben werden kann, notwendigen Varianzkomponenten wurden mit der Prozedur PROC VarComp mit der Standard-Option MIVQUE0 (basiert auf der Standard-Varianzzerlegung Typ1 der VA), des Programms SAS Version 9.2 geschätzt (Schuemer *et al.* 1990).

Die Heritabilitätsschätzung innerhalb des Weltsortimentsversuches-Petersilie wurde für jedes der Merkmale Blattkräuselung, Wurzelverholzung und Wurzelverdickung über alle Prüfglieder mit jeweils zwei Standorten nach folgender Formel vorgenommen (IPP-BOKU 2012).

$$h^2 = \frac{VC_G}{VC_G + VC_{GO}/n_O + VC_{GJ}/n_J + VC_{GOJ}/n_{OJ} + VC_{Residual}/n_{OJR}}$$

VC_G –	Varianzkomponente Genotyp
VC_{GO} –	Varianzkomponente Genotyp x Standort
VC_{GJ} –	Varianzkomponente Genotyp x Jahr
VC_{GOJ} –	Varianzkomponente Genotyp x Standort x Jahr
$VC_{Residual}$ –	Varianzkomponente Rest
n_x –	Anzahl der Standorte, Jahre und Genotypen

Für Berechnungen (u.a. **Korrelationen**, **Rangsummentest**, „**Chi²**“ (**χ^2 -Test** und **Hauptkomponentenanalyse**) der deskriptiven, schließenden und explorativen Statistik wurde die Software „Statistica (Version 7.1)“ genutzt. Kalkulationen von „**Rangkorrelationen** nach Spearman“ (r_s) und des „**korrigierten Kontingenzkoeffizienten**“ ($C_{\text{korrig.}}$) vollzogen sich nach Köhler *et al.* (2002). Bei der **Prüfung auf Normalverteilung** fand der Test nach Shapiro und Wilk (1965) Anwendung. Die Durchführung von **Rangsummentests** geschah mit dem U-

Test von Mann und Whitney (Köhler *et al.* 2002). Berechnungen von χ^2 -Tests erfolgten mit der folgenden Formel. Es wurde dabei eine „Irrtumswahrscheinlichkeit“ (p) von $p \leq 0,05$ bezüglich der Nullhypothese akzeptiert (Köhler *et al.* 2002, Sumpf und Moll 2004).

$$\chi^2 = \frac{(Br - Er)^2}{Er} + \frac{(Ba - Ea)^2}{Ea}$$

- Br – beobachtete Häufigkeit resistenter Pflanzen
- Er – erwartete Häufigkeit resistenter Pflanzen
- Ba – beobachtete Häufigkeit anfälliger Pflanzen
- Ea – erwartete Häufigkeit anfälliger Pflanzen.

Die Berechnung der **Hauptkomponentenanalyse** („**principal component analysis**“ – **PCA**) legte alle Prüfglieder des Weltsortimentsversuches-Petersilie und jene 42 VOCs, welche in mindestens 75 % der Akzessionen einen Gehalt größer als Null aufwiesen, zugrunde, basierend auf Korrelationen (Henrion und Henrion 1995).

Die **genetische Distanzanalyse** vollzog sich mittels NTSYSpc 2.2 (Exeter Software) nach Nei (1972). Die Berechnungen der genetischen Distanzen erfolgten für 219 Petersilien-Genotypen und 20 Akzessionen Sellerie mittels 205 molekularer Marker. Bei dem Ereignis „Markerbande vorhanden“ wurde bei der Eingabe-Tabelle eine „1“ und entsprechend bei „Markerbande nicht vorhanden“ eine „0“ gewählt. Nicht auswertbare Daten erhielten hierbei „999“ für unbekannt.

Die Berechnung des Clusterbaums erfolgte mit der UPGMA-Methode (Knoop und Müller 2009).

Die **Analyse der Struktur der Art Petersilie** konnte mit dem freien Programm structure 2.3.1. (Pritchard *et al.* 2000, verfügbar unter <http://pritch.bsd.uchicago.edu/software>) umgesetzt werden. Die Berechnungen in structure erfolgten für 219 Petersilien-Genotypen und 181 molekulare Marker mit einer „minor allele frequency“ (MAF) von $\geq 5\%$. Auch hier wurden für die Ereignisse „Markerbande vorhanden“ bzw. „Markerbande nicht vorhanden“ in der Eingabe-Tabelle eine „1“ bzw. „0“ gewählt, für nicht auswertbare Daten jedoch eine „-9“. Die Länge der „burnin“-Periode und die Anzahl an „Markov chain Monte Carlo“ (MCMC)-Iterationen erhielten bei den Parametereinstellungen jeweils 10000.

Für das Herkunftsmodell („ancestry model“) fiel die Wahl auf das „admixture model“. Die Allelfrequenzen über alle Populationen waren als unabhängig („independent“) zu wählen.

Eine Berechnung der Wahrscheinlichkeiten für die Anzahl von K Untergruppen (Likelihood = L[K]) mit der folgenden Ausgabe der Q-Tabelle wurde voreingestellt (Knoop und Müller 2009). Es sollten dabei die Anzahl von eins bis zwölf Untergruppen bei fünf Wiederholungen pro Durchlauf gerechnet werden.

Die Bestimmung der Anzahl an Untergruppen erfolgte nach Evanno *et al.* (2005).

Das freie Programm TASSEL 2.1 (verfügbar unter www.maizegenetics.net/TASSEL) mit einem MLM machte die Berechnungen der „**marker trait associations**“ möglich.

Die Kalkulation der MTAs erfolgte für 219 Petersilien-Genotypen und 181 molekulare Marker. Ebenso an dieser Stelle erhielten in der Eingabe-Tabelle die Ereignisse „Markerbande vorhanden“ bzw. „Markerbande nicht vorhanden“ eine „1“ bzw. „0“, nicht auswertbare Daten „-999“.

Die Genotypdaten- und Phenotypdaten-Tabelle sowie die Q-Matrix wurden über die Schaltfläche „U-join“ zu einer Datentabelle verbunden. Die weitere Erstellung einer „Kinship-Matrix“ (K-Matrix), die sich durch das Programm TASSEL mittels der Genotypdaten-Tabelle über die Kinship-Funktion gestaltete, integrierte sich in die Berechnungen der MTAs.

Die über „U-join“ erzeugte Datentabelle wurde zusammen mit der K-Matrix innerhalb eines MLMs mittels der entsprechenden Schaltfläche zu MTAs verrechnet.

Für die Berechnungen der MTAs mittels MLM durch die „efficient mixed-model association“ (EMMA)-Methode (Kang *et al.* 2008) erfolgte die Einstellung der Wahrscheinlichkeiten für die jeweilige Q-Gruppe Q1 bzw. Q2 als Kovariable.

Die Berechnung der Assoziationen zwischen den molekularen Markern ließ sich durch die LD-Funktion mittels der Genotypdaten-Tabelle vornehmen.

Die erforderlichen **Korrekturen (Adjustierungen) der Irrtumswahrscheinlichkeiten** bei den multiplen Teststatistiken für die Berechnungen der MTAs wurden nach der Bonferroni-Methode ($p_{\text{adjustiert}} = p_{\text{global}}/\text{Anzahl der Tests}$) vorgenommen, die globale Irrtumswahrscheinlichkeit dabei auf 5% gesetzt (Köhler *et al.* 2002).

3 Ergebnisse

3.1 Morphologische Merkmale, Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* und *Plasmopara petroselini*, volatile organische Verbindungen sowie genetische Variabilität innerhalb eines Weltsortimentes von *Petroselinum crispum*

Morphologische Merkmale

Für das Merkmal Blattkräuselung wurden in QLB 57 und in GAT 214 Akzessionen, die Merkmale Wurzelverdickung und Wurzelverholzung mit Ausnahme von zwei Akzessionen an beiden Standorten komplett bonitiert. Die Boniturskalen wurden, bis auf die Boniturnote 4 für das Merkmal Blattkräuselung am Standort GAT, für alle Merkmale an beiden der Standorten ausgeschöpft. Die Merkmale Blattkräuselung, Wurzelverdickung und Wurzelverholzung zeigen jeweils an beiden Standorten ähnliche Häufigkeitsverteilungen der Boniturstufen. Für das Merkmal Blattkräuselung liegt der Modalwert auf der Boniturnote 1, bei der Wurzelverdickung auf der Note 0 und bei der Wurzelverholzung auf der Note 1. Die ausgewählten Merkmale zeigen für die zweiertig bonitierten Akzessionen Heritabilitäten mit Werten von größer als 0,96. Eine Übersicht über die morphologischen Boniturdaten mit der jeweiligen Anzahl der Prüfglieder ist in Tabelle 3.1 sowie jeder einzelnen Akzession ist in Tabelle 7.1 dargestellt.

Tab. 3.1: Ausprägungshäufigkeiten, Varianzen und Heritabilitäten für die morphologischen Merkmale Blattkräuselung, Wurzelverdickung und Wurzelverholzung an den beiden Versuchsstandorten Gatersleben und Quedlinburg

Merkmale	bonitierte Prüfglieder	zweiertig bonitierte Prüfglieder	absolute Häufigkeiten zu den Boniturstufen					Varianz	h ^{2**}
			0	1	2	3	4		
Blattkräuselung GAT	214	53		44	6	3	0	0,29	0,96
Blattkräuselung QLB	57	53		44	4	4	1	0,48	
Wurzelverdickung GAT	218	217	190	27				0,11	0,96
Wurzelverdickung QLB	219	217	190	27				0,11	
Wurzelverholzung GAT	218	217	26	191				0,11	0,97
Wurzelverholzung QLB	219	217	24	193				0,10	

*signifikant für $p \leq 0,01$; **berechnet auf der Basis der Standorte GAT und QLB

Ausgehend von den Merkmalen Blattkräuselung, Wurzelverdickung und Wurzelverholzung wurden 169 Herkünfte in die „Varietät“ (var.) *vulgare* / var. *neapolitanicum*, 25 in die var. *tuberosum* und 14 in die var. *crispum* eingeordnet. Nicht im geprüften Sortiment enthalten wa-

ren die var. *sylvestre* und var. *erfurtense*. Zusätzlich wurden Übergangsformen zwischen var. *vulgare* und var. *tuberosum* (glattblättrige Typen mit Tendenz zur Wurzelverdickung) sowie var. *crispum* und var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* (Übergangstypen zwischen krausem und glattem Blatt) mit drei bzw. neun Herkünften erfasst (Tabellen 3.2 und 7.1).

Tab. 3.2: Anzahl der Akzessionen aus dem Weltsortiment nach taxonomischer Gruppierung

infraspezifisches Taxon	Häufigkeiten	rel. Anteil [%]
var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	169	76,5
var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>tuberosum</i>	3	1,5
var. <i>tuberosum</i>	25	11,5
var. <i>crispum</i>	14	6,5
var. <i>crispum</i> mit Tendenz zu var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> sowie var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	9	4,0

Beziehungen morphologischer Eigenschaften

Die Blattkräuselung korreliert nicht mit der Wurzelverdickung ($r_s = -0,12$) und der Wurzelverholzung ($r_s = 0,11$). Hingegen ist die Wurzelverdickung stark negativ mit der Wurzelverholzung ($r_s = -0,94$) korreliert. (Tabelle 3.3).

Tab. 3.3: Korrelationen morphologischer Eigenschaften

	Blattkräuselung (GAT) zu Wurzelverdickung (QLB)	Blattkräuselung (GAT) zu Wurzelverholzung (QLB)	Wurzelverdickung (QLB) zu Wurzelverholzung (QLB)
Korrelationen (r_s)	-0,12	0,11	-0,94*

*signifikant für $p \leq 0,05$

Natürlicher Befall mit *Septoria petroselini* und *Plasmopara petroselini*

Für den natürlichen Befall durch *S. petroselini* zum zweiten Boniturtermin an den beiden Standorten Quedlinburg und Gatersleben wurde ein signifikanter Rangkorrelationskoeffizient von $r_s = 0,23$ ($p \leq 0,05$) bestimmt. Die Berechnung des Rangkorrelationskoeffizienten für den natürlichen Befall durch *P. petroselini* zum zweiten Boniturtermin ergab mit $r_s = 0,71$ ($p \leq 0,05$) ebenfalls einen signifikanten Zusammenhang.

Zusätzlich zur Betrachtung der Korrelation der Befallsstärken beider Standorte ist die Verteilung der Boniturergebnisse entsprechend des Anbauplanes in Farbtafeln dargestellt.

An beiden Standorten mit identischen Positionen der Prüfglieder zeigten sich keine homogenen Verteilungen der unterschiedlichen Befallsstufen in der Versuchsanlage. Für *S. petroselini* war der Befallsdruck am Standort GAT zu gering. Eine Ähnlichkeit der Verteilung der Boniturergebnisse ist nicht erkennbar (Abbildung 3.1). Für *P. petroselini* zeigten sich Bereiche mit überwiegend sehr stark bzw. schwach befallenen PG. Zwischen beiden Standorten wird für *P. petroselini* eine Ähnlichkeit deutlich. Hinweis darauf ist bspw. eine Anhäufung stärker befallener Herkünfte im Bereich der Spalten 3 bis 5 und 9 bis 11 (Abbildung 3.2, Tabelle 7.14).

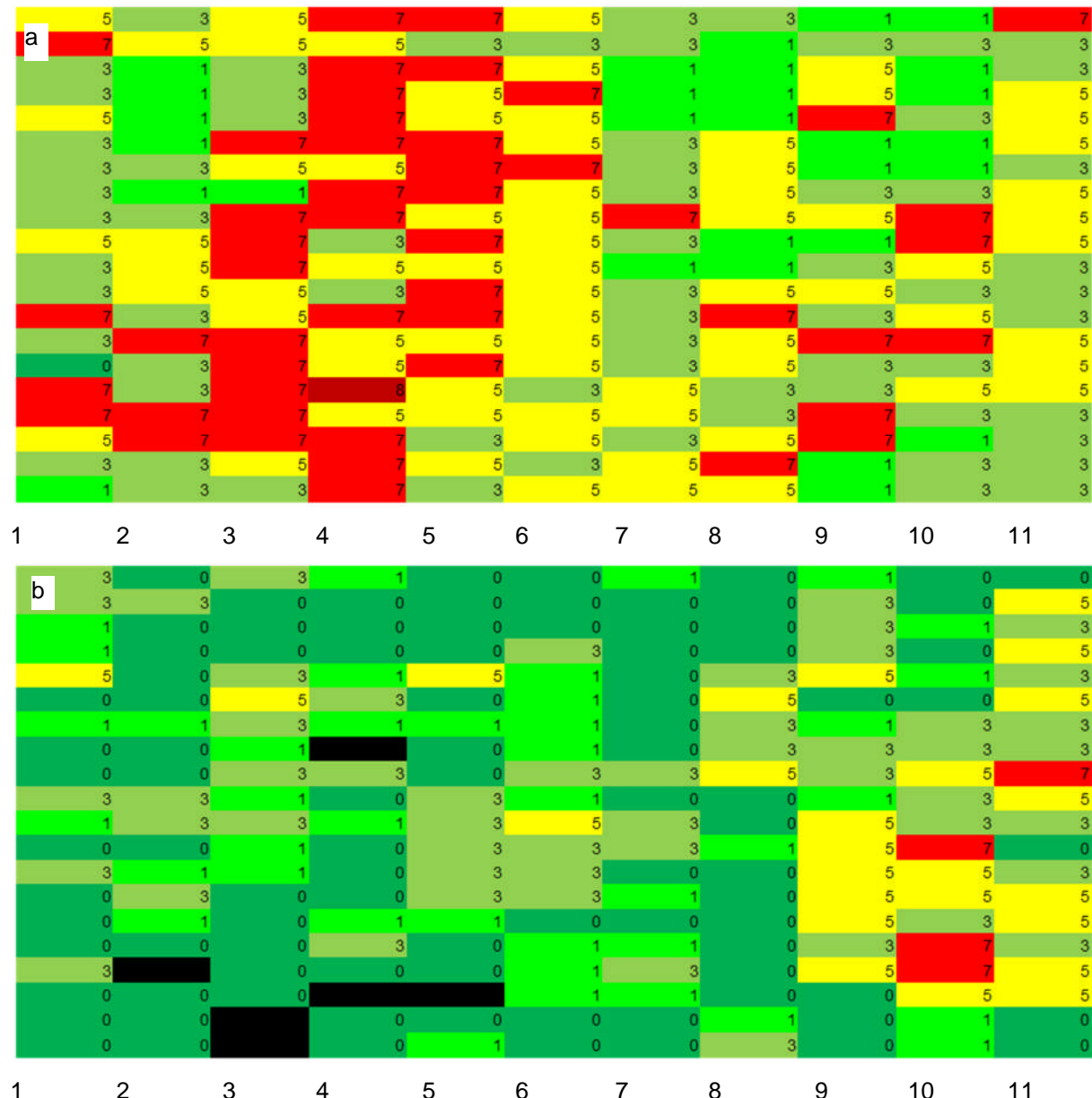


Abb. 3.1: Befall mit *Septoria petroselini* (zweite Bonitur); Darstellung des an den beiden Standorten QLB und GAT identischen Anbauplanes von 220 Petersilienherkünften. Jede Parzelle wurde für die ermittelte Boniturnote des Befalls eingefärbt. a: Standort QLB; b: Standort GAT, siehe Legende zu Abb. 3.1 und 3.2 (S. 47), schwarze Felder stehen für nicht auswertbare PG

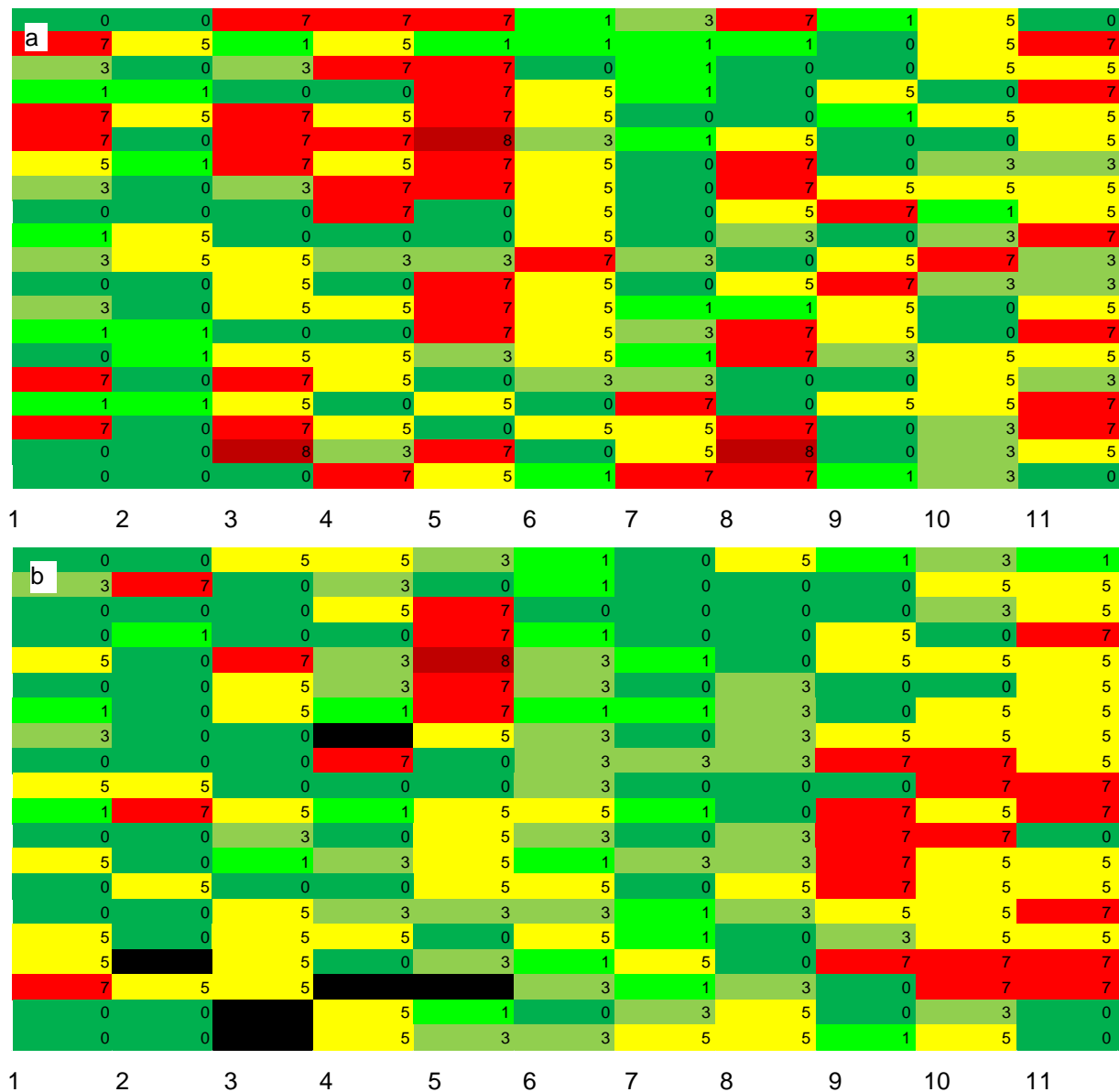
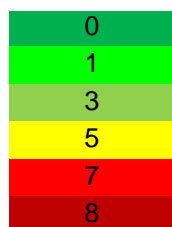


Abb. 3.2: Befall mit *Plasmopara petroselini* (zweite Bonitur); Darstellung des an den beiden Standorten QLB und GAT identischen Anbauplanes von 220 Petersilienherkünften. Jede Parzelle wurde für die ermittelte Boniturnote des Befalls eingefärbt. a: Standort QLB; b: Standort GAT, siehe Legende zu Abb. 3.1 und 3.2, schwarze Felder stehen für nicht auswertbare PG



Legende zu Abb. 3.1 und 3.2

Die Akzessionen verteilen sich nach ihren infraspezifischen Taxa nicht homogen über die Versuchsfläche (Abbildung 3.3).

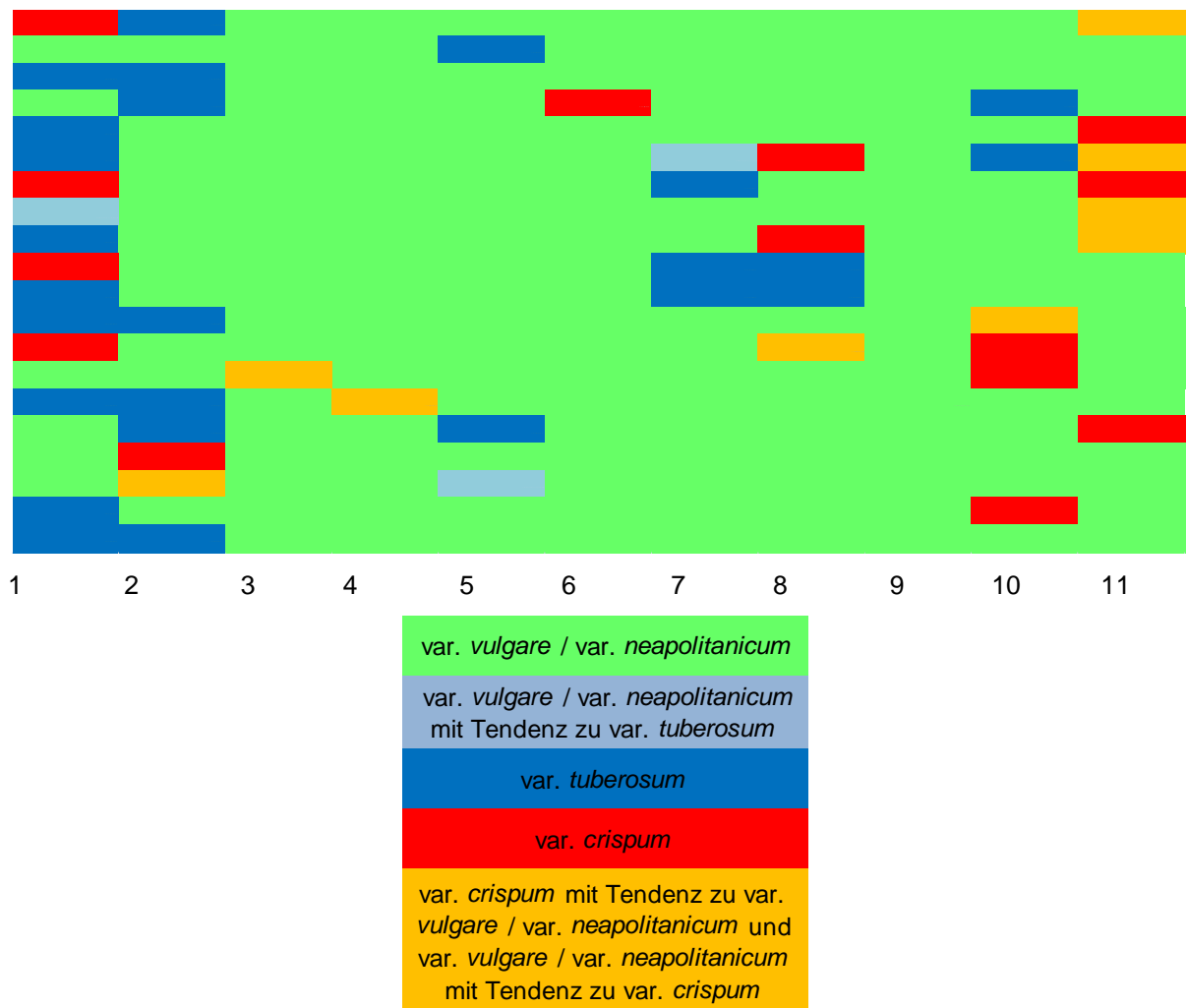


Abb. 3.3: Verteilung der Akzessionen nach infraspezifischen Taxa; Darstellung des an den beiden Standorten QLB und GAT identischen Anbauplanes von 220 Petersilienherkünften

Die Häufigkeitsverteilung des *S. petroselini*-Befalls zeigt den Modus auf der Boniturnote 5. Der Shapiro-Wilk-Test ergibt mit SW-W (Shapiro-Wilk W-Statistik) = 0,8876 ($p = 0,0000$) signifikante Unterschiede zur Normalverteilung.

Beim Befall durch *P. petroselini* zeigt die Befallsverteilung den Modus bei der Boniturnote 0 und einem weiteren Häufigkeitsschwerpunkt auf den Noten 5 bis 7. Die Häufigkeiten des Befalls durch *S. petroselini* und *P. petroselini* sind in Tabelle 3.4 zu sehen. Die Boniturdaten aller Prüfglieder bezüglich *S. petroselini* und *P. petroselini* sind in Tabelle 7.1 (Marthe *et al.* 2012) dargestellt.

Tab. 3.4: Häufigkeitsverteilungen des *S. petroselini* und *P. petroselini*-Befalls

Pathogene - Standorte	absolute Häufigkeiten der Boniturstufen von <i>S. petroselini</i> und <i>P. petroselini</i>					
	Note - 0	Note - 1	Note - 3	Note - 5	Note - 7	Note - 8
<i>S. petroselini</i> - QLB*	1	29	68	72	49	1
<i>S. petroselini</i> – GAT	92	40	53	25	4	0

Tab. 3.4: fortgesetzt

Pathogene - Standorte	absolute Häufigkeiten der Boniturstufen von <i>S. petroselini</i> und <i>P. petroselini</i>					
	Note - 0	Note - 1	Note - 3	Note - 5	Note - 7	Note - 8
<i>P. petroselini</i> – QLB	60	26	28	57	46	3
<i>P. petroselini</i> - GAT	70	22	36	59	26	1

*der Shapiro-Wilk-Test auf Normalverteilung ergibt signifikante Unterschiede für $p \leq 0,05$

Für die Bonitur des Befalls durch *S. petroselini* und *P. petroselini* wurden alle Boniturstufen der verwendeten Skala genutzt (Tabelle 2.3). Der Median des Befalls durch *S. petroselini* liegt bei der Boniturnote 5, beim Befall durch *P. petroselini* auf der Note 3. Am Standort Quedlinburg konnten alle 220 Prüfglieder für den Befall beider Pathogene bonitiert werden, am Standort Gatersleben 214. Die Varianz beim Befall durch *S. petroselini* liegt bei 3,91 und beim Befall durch *P. petroselini* bei 7,55. Die Boniturfrequenzen mit den entsprechenden Streuungsmaßen sind in Tabelle 3.5 dargestellt.

Tab. 3.5: Anzahl der bonitierten Prüfglieder sowie ausgewählte Lage- und Streuungsmaße bezüglich des Befalls durch *S. petroselini* und *P. petroselini*

Pathogene – Standorte	bonitierte Prüfglieder	Median	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartil	Varianz	r_s
Befall <i>S. petroselini</i> - QLB	220	5	0	8	3	5	3,91	0,24*
Befall <i>S. petroselini</i> - GAT	214	1	0	7	0	3	3,56	
Befall <i>P. petroselini</i> - QLB	220	3	0	8	0	5	7,55	0,71*
Befall <i>P. petroselini</i> - GAT	214	3	0	8	0	5	6,53	

*signifikant für $p \leq 0,05$

Beziehungen zwischen Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* und *Plasmodium petroselini*

Die Befallswerte von *S. petroselini* und *P. petroselini* weisen einen Rangkorrelationskoeffizienten von $r_s = 0,40$ und einen korrigierten Kontingenzkoeffizienten von $C_{\text{korrig.}} = 0,52$ (beide Werte zeigen $p \leq 0,05$) auf. Dieser Zusammenhang wird zur weiteren Beschreibung der Beziehung in einer Kontingenztafel dargestellt. Von den 30 gegenüber *S. petroselini* (Boniturnote 0 + 1) bzw. 60 gegenüber *P. petroselini* resistenten (Boniturnote 0) Prüfgliedern sind 16 resistent gegen beide Schaderreger (PET 16, PET 21, PET 34, PET 36, PET 39, PET 133, PET 159, PET 167, PET 168, PET 169, PET 177, PET 178, PET 181, PET 191, PET 212 und PET 214). Vollkommen symptomfrei (Boniturnote 0) gegenüber beiden Pathogenen ist PET 16 (Tabelle 3.6).

Tab. 3.6: Kontingenztafel für die Besetzung der Boniturklassen für den Befall durch *S. petroselini* und *P. petroselini*

absolute Häufigkeiten	<i>P. petroselini</i> - QLB - 0	<i>P. petroselini</i> - QLB - 1	<i>P. petroselini</i> - QLB - 3	<i>P. petroselini</i> - QLB - 5	<i>P. petroselini</i> - QLB - 7	<i>P. petroselini</i> - QLB - 8
<i>S. petroselini</i> - QLB - 0	1	0	0	0	0	0
<i>S. petroselini</i> - QLB - 1	15	6	5	3	0	0
<i>S. petroselini</i> - QLB - 3	24	10	14	14	6	0
<i>S. petroselini</i> - QLB - 5	10	4	5	29	23	1
<i>S. petroselini</i> - QLB - 7	10	6	4	10	17	2
<i>S. petroselini</i> - QLB - 8	0	0	0	1	0	0

Beziehungen zwischen Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini* und bedeutenden morphologischen Eigenschaften

Alle Beziehungen zwischen den Befallsausprägungen durch beide Pathogene und den Boniturstufen der morphologischen Eigenschaften sind bis auf den Wert des *P. petroselini*-Befalls zur Blattkräuselung von $r_s = -0,11$ statistisch signifikant. Die Korrelationen zwischen dem Merkmal Wurzelverdickung zu den Anfälligkeiten für *S. petroselini* und *P. petroselini* betragen $r_s = -0,35$ und $r_s = -0,28$. Die Korrelationen zwischen dem Merkmal Wurzelverholzung zu den Anfälligkeiten für *S. petroselini* und *P. petroselini* ergeben $r_s = 0,32$ und $r_s = 0,28$ (Tabelle 3.7).

Tab. 3.7: Beziehungen morphologischer Merkmale mit Befallswerten von *S. petroselini* und *P. petroselini*

	Merkmale		
	Wurzelverdickung - QLB - r_s	Blattkräuselung - GAT - r_s	Wurzelverholzung - QLB - r_s
Befall - <i>S. petroselini</i> QLB	-0,35*	0,18*	0,32*
Befall - <i>P. petroselini</i> QLB	-0,28*	-0,11	0,28*

*signifikant für $p \leq 0,05$

Analyse volatiler organischer Verbindungen

Die Analyse der VOCs erfolgte bei 220 Prüfgliedern, von denen 219 Genotypen auswertbar waren.

Der Stoff mit dem durchschnittlich höchsten Gehalt über alle Akzessionen ist (β)-Myrcen, das weiterhin alle Prüfglieder enthalten, sich jedoch in der Varianz deutlich von den restlichen Substanzen nach oben absetzt. In der durchschnittlichen Höhe des Gehaltes wie auch in der Varianz belegen Dimethylstyrol, Myristicin und (*E*)-2-Hexenal absteigend die folgenden Ränge, wobei Myristicin die zweithöchste Varianz aufweist und auch nicht in allen Akzessionen

synthetisiert wird. Die deutlich niedrigsten Gehalte im „Mittelwert“ (MW) und der Varianz weisen absteigend die unbekanntesten Substanzen a40, a75 und a95 vor. Sieben der 16 Substanzen kommen mit einem Gehalt größer Null in allen Prüfgliedern vor. Im Folgenden sind wesentliche Lage- und Streuungsmaße der Gehalte der 16 ausgewählten Substanzen über die analysierten Prüfglieder dargestellt (Tabelle 3.8). Die Gehalte der VOCs jeden Genotyps sind Tabelle 7.2 dargestellt.

Tab. 3.8: Lage- und Streuungsmaße der Gehalte volatiler organischer Verbindungen

Substanzen	analyzierte Prüfglieder	MW	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartil	Varianz
Hexanal	219	30,33	5,87	114,51	19,26	36,64	292
(β)-Myrcen	219	1509,91	165,62	6745,17	666,78	2107,09	1279841
(<i>E</i>)-2-Hexenal	219	346,53	16,61	1593,36	123,32	513,73	91828
(γ)-Terpinen	219	21,04	0,00	187,63	3,71	28,10	840
a40	219	6,16	0,00	22,26	3,15	8,66	25
(<i>Z</i>)-3-Hexenol	219	45,91	5,81	141,40	20,68	66,89	765
Dimethylstyrol	219	847,51	154,96	2694,86	539,33	1008,49	179746
Terpinenol	219	44,45	0,00	233,75	12,77	68,13	1654
a75	219	6,94	0,00	24,49	3,94	8,93	26
a76	219	14,77	0,00	88,92	7,53	17,38	155
p-Menthenol	219	25,91	0,00	116,99	10,29	36,96	353
a80	219	32,29	2,97	106,27	17,55	45,11	353
Sesquiphellandren	219	22,77	0,00	154,10	4,29	32,68	546
Cymenol	219	20,86	1,57	94,24	12,18	25,52	168
a95	219	7,86	0,00	38,78	3,74	10,40	47
Myristicin	219	526,48	0,00	3271,41	86,28	836,80	261872

Beziehungen morphologischer Merkmale zu volatilen organischen Verbindungen

Für das Merkmal Blattkräuselung zeigen die Substanzen Myristicin, Cymenol und a76 die am stärksten positiven ($r_s = 0,45$ bis $0,35$) und (*E*)-2-Hexenal, a95 und a80 negative ($r_s = -0,45$ bis $-0,33$) Beziehungen. Nicht alle Zusammenhänge sind für $p \leq 0,05$ statistisch abgesichert (Tabelle 3.9).

Tab. 3.9: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zur Blattkräuselung

Substanz**	Blattkräuselung - GAT - r_s
(<i>E</i>)-2-Hexenal	-0,42*
a95	-0,42*
a80	-0,33*
(β)-Myrcen	-0,27*
Dimethylstyrol	-0,21*
Terpinenol	-0,13

Tab. 3.9: fortgesetzt

Substanz**	Blattkräuselung - GAT - r_s
Hexanal	-0,12
a40	-0,10
(γ)-Terpinen	0,01
a75	0,03
(Z)3-Hexenol	0,05
Sesquiphellandren	0,19*
p-Menthenol	0,23*
a76	0,35*
Myristicin	0,40*
Cymenol	0,42*

*signifikant für $p \leq 0,05$; **aufsteigend geordnet nach r_s , jeweils 4 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zum Merkmal korrelieren, sind fett gedruckt

Die engsten Beziehungen sind zwischen VOCs und den beiden Wurzelmerkmalen (Verdickung und Verholzung) zu finden. Dabei handelt es sich um die identischen VOCs. So sind bei Typen mit Ausprägungen der Wurzelmerkmale typisch für Wurzelpetersilie, die VOCs Sesquiphellandren, p-Menthenol und Terpinenol am stärksten negativ ($r_s = -0,42$ bis $-0,35$) und (*E*)2-Hexenal, (β)-Myrcen und Hexanal am stärksten positiv ($r_s = 0,48$ bis $0,39$) mit der Wurzelverdickung korreliert. Sesquiphellandren, p-Menthenol und Terpinenol sind hingegen am höchsten positiv ($r_s = 0,42$ bis $0,36$) und (*E*)2-Hexenal, (β)-Myrcen und Hexanal am höchsten negativ ($r_s = -0,46$ bis $-0,40$) zur Wurzelverholzung korreliert (Tabellen 3.10 und 3.11).

Die Substanz (*E*)2-Hexenal steht am engsten mit allen drei morphologischen Merkmalen (krauses - / glattes Blatt, Wurzelverdickung und Wurzelverholzung – ja / nein) insofern in Zusammenhang, als dass die beiden für Wurzelpetersilien typischen Ausprägungen dieser Merkmale positiv und die zunehmende Blattkräuselung negativ mit (*E*)2-Hexenal korrelieren. Darüber hinaus gibt es weitere Substanzen wie (β)-Myrcen und Dimethylstyrol, a 95 und a80, die mit den Wurzeltypen der Petersilie tendenziell positiv korrelierend einhergehen, hingegen negativ korrelierend mit der Blattkräuselung. Die mit der Blattkräuselung am engsten positiv assoziierten Substanzen Myristicin und Cymenol sind mit den wurzeltypischen Eigenschaften nicht in Beziehung. Die unbekannte Substanz a76, welche relativ eng positiv mit der Blattkräuselung korreliert ist, steht auch moderat negativ mit den entsprechenden Ausprägungen der wurzeltypischen Petersilieneigenschaften in Zusammenhang (Tabellen 3.9, 3.10 und 3.11).

Tab. 3.10: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zur Wurzelverdickung

Substanz**	Wurzelverdickung - QLB - r_s
Sesquiphellandren	-0,42*
p-Menthenol	-0,40*

Tab. 3.10: fortgesetzt

Substanz**	Wurzelverdickung - QLB - r_s
Terpinenol	-0,35*
a75	-0,34*
(Z)3-Hexenol	-0,28*
a76	-0,27*
(γ)-Terpinen	-0,16*
Cymenol	0,02
Myristicin	0,05
a40	0,23*
a95	0,26*
a80	0,28*
Dimethylstyrol	0,31*
(β)-Myrcen	0,39*
Hexanal	0,45*
(E)2-Hexenal	0,48*

*signifikant für $p \leq 0,05$; **aufsteigend geordnet nach r_s , jeweils 4 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zum Merkmal korrelieren, sind fett gedruckt

Tab. 3.11: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zur Wurzelverholzung

Substanz**	Wurzelverholzung - QLB - r_s
(E)2-Hexenal	-0,46*
Hexanal	-0,44*
(β)-Myrcen	-0,40*
Dimethylstyrol	-0,34*
a80	-0,28*
a95	-0,26*
a40	-0,24*
Cymenol	-0,07
Myristicin	-0,05
(γ)-Terpinen	0,16*
a76	0,26*
(Z)3-Hexenol	0,30*
a75	0,34*
Terpinenol	0,36*
p-Menthenol	0,40*
Sesquiphellandren	0,42*

*signifikant für $p \leq 0,05$; **aufsteigend geordnet nach r_s , jeweils 4 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zum Merkmal korrelieren, sind fett gedruckt

Beziehungen zwischen Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini* zu volatilen organischen Verbindungen

Die geringeren Anfälligkeiten gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* der Petersilienakzessionen assoziieren in derselben Reihenfolge positiv am stärksten mit den Substanzen (E)2-Hexenal und (β)-Myrcen. Die r_s -Werte von (E)2-Hexenal zum Schaderregerbefall betragen bei *S. petroselini* -0,49 und bei *P. petroselini* -0,50. Zwischen (β)-Myrcen und *S. petroselini*

beträgt $r_s = -0,39$, und zwischen (β)-Myrcen und *P. petroselinii* beträgt $r_s = -0,47$. In den Größen der r_s -Werte gefolgt werden die Substanzen (*E*)2-Hexenal und (β)-Myrcen von a40, Dimethylstyrol und Hexanal, obwohl sich die Rangfolge zwischen den beiden Pathogenen bezüglich dieser VOCs ändert.

Am stärksten positiv in Beziehung mit dem Befall der beiden Pathogene steht die Substanz (*Z*)3-Hexenol. Zur Anfälligkeit gegen *S. petroselinii* beträgt $r_s = 0,47$ und gegen *P. petroselinii* $r_s = 0,61$. (*Z*)3-Hexenol wird gefolgt von weiteren positiv korrelierenden Substanzen wie Sesquiphellandren und (γ)-Terpinen zum Befall durch *S. petroselinii* sowie Terpinenol und a75 zum Befall durch *P. petroselinii*, wobei sich diese Substanzen zur Anfälligkeit gegen beide Pathogene konsistent mit relativ hohen r_s -Werten von mindestens 0,38 wiederfinden. Cymenol und Myristicin korrelieren nicht mit den Befallswerten beider Pathogene. Die Rangkorrelationskoeffizienten der einzelnen Substanzen zu den Anfälligkeiten sind in Tabelle 3.12 und 3.13 dargestellt.

Tab. 3.12: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum *S. petroselinii*-Befall

Substanz**	Befall <i>S. petroselinii</i> - QLB - r_s
(E)2-Hexenal	-0,49*
(β)-Myrcen	-0,39*
a40	-0,35*
Hexanal	-0,27*
Dimethylstyrol	-0,26*
a80	-0,19*
a95	-0,19*
Myristicin	0,00
Cymenol	0,09
p-Menthenol	0,37*
Terpinenol	0,40*
a76	0,41*
a75	0,42*
(γ)-Terpinen	0,44*
Sesquiphellandren	0,45*
(Z)3-Hexenol	0,47*

*signifikant für $p \leq 0,05$; **aufsteigend geordnet nach r_s , jeweils 4 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zum Merkmal korrelieren, sind fett gedruckt

Tab. 3.13: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum *P. petroselinii*-Befall

Substanz**	Befall <i>P. petroselinii</i> - QLB - r_s
(E)2-Hexenal	-0,50*
(β)-Myrcen	-0,47*
Dimethylstyrol	-0,37*
a40	-0,35*
Hexanal	-0,34*

Tab. 3.13: fortgesetzt

Substanz**	Befall <i>P. petroselinii</i> - QLB - r_s
a80	-0,18*
Myristicin	-0,11
a95	-0,09
Cymenol	-0,07
a76	0,34*
(γ)-Terpinen	0,38*
p-Menthenol	0,43*
Sesquiphellandren	0,47*
a75	0,49*
Terpinenol	0,59*
(Z)3-Hexenol	0,61*

*signifikant für $p \leq 0,05$; **aufsteigend geordnet nach r_s , jeweils 4 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zum Merkmal korrelieren, sind fett gedruckt

Molekulargenetische Analysen

Innerhalb der 220 genotypisch untersuchten und letztlich 219 auswertbaren Akzessionen „Petersilie“ (*Pet. crisp.*), die um 20 Akzessionen Sellerie ergänzt wurden, konnten 205 polymorphe molekulare Marker ausgewertet werden. Betrachtet man ausschließlich die Akzessionen der Petersilie, wurden 188 polymorphe Markerbanden analysiert. Ohne die Markerbanden in der Petersilienkollektion unter der MAF von 5 % waren es 181 auswertbare Banden (Tabelle 3.14a). Die molekularen Marker aller Akzessionen sind in Tabelle 7.8 dargestellt.

Tab. 3.14a: Anzahl der Akzessionen von Petersilie, Sellerie und Petersilie sowie der polymorphen molekularen Marker mit / ohne „minor allele frequency“ von 5 %

Untersuchte Populationen	Anzahl Akzessionen	Marker gesamt	Marker gesamt = polymorphe Marker	monomorphe Marker	polymorphe Marker mit einer MAF < 5 %	polymorphe Marker mit einer MAF \geq 5 %
Gesamtpopulation - <i>Pet. crisp.</i> mit <i>Apium graveolens</i> als Außengruppe	219 + 20	205	205	0	0	205
Gesamtpopulation -ausschließlich <i>Pet. crisp.</i>	219	205	188	17	7	181

Die meisten molekularen Banden innerhalb der Gesamtpopulation Petersilie mit Sellerie konnten vom dpRAPD- („Anzahl“ [n] = 66) und dem AFLP-System (n = 64) ausgewertet werden. Wesentlich weniger Banden basieren auf dem RAPD-System (n = 22). Beschränkt man

die Sicht auf die Petersilienakzessionen, verringert sich lediglich bei den AFLP-Banden die Anzahl ($n = 47$; $n = 40$ bei $MAF \geq 5\%$) (Tabelle 3.14b).

Tab. 3.14b: Anzahl der ausgewerteten molekularen Banden in Abhängigkeit des Markersystems und Pflanzenmaterials sowie der „minor allele frequency“

	Markersysteme			
	RAPD	dpRAPD	AFLP	SRAP
<i>Pet. crisp.</i> + <i>Apium graveolens</i> (nur Banden mit $MAF \geq 5\%$)	22	66	64	53
<i>Pet. crisp.</i> (alle Banden)	22	66	47	53
<i>Pet. crisp.</i> (nur Banden mit $MAF \geq 5\%$)	22	66	40	53

Baumstruktur auf der Grundlage von genetischen Distanzen

Drei große Gruppen setzen sich im Dendrogramm mit nicht unerheblicher genetischer Distanz voneinander ab. Die größte durchschnittliche genetische Distanz zwischen zwei Clustern besteht mit 1,53 zwischen der Außengruppe aus Sellerie und dem gesamten Petersiliensortiment. Die zweitgrößte mittlere genetische Distanz zwischen zwei Gruppen beträgt 1,46 innerhalb der Art Petersilie. Das größere molekulare Cluster der beiden, welches 132 Akzessionen beinhaltet, wird folgend als molekulares Cluster 1 und das kleinere mit 87 Herkünften als molekulares Cluster 2 bezeichnet. Diese zwei Cluster der Petersilie zeigen jeweils innerhalb der entsprechenden Akzessionen keine annähernd vergleichbar große genetische Distanz. Die zwei molekularen Cluster, beschränkt auf die Akzessionen der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum*, haben zueinander eine durchschnittliche genetische Distanz von 1,40. Die durchschnittliche genetische Distanz zwischen den Akzessionen der var. *crispum* inklusive aller Übergangstypen bezüglich der Blattkräuselung im molekularen Cluster 1 und den Genotypen der var. *tuberosum* mit den drei Akzessionen, welche zum Wurzeltyp tendieren, im molekularen Cluster 2 beträgt 1,72.

Zwei Akzessionen der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* fallen im Dendrogramm auf der linken Seite des Clusters 1 mit größerer genetischer Distanz gegenüber den anderen Akzessionen des Clusters 1 als Ausreißer auf.

Einerseits ist das der Genotyp PET 103, welcher eine mittlere genetische Distanz von 0,42 zur var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* des Clusters 1 aufweist, die wiederum eine mittlere genetische Distanz von 0,26 zwischen den entsprechenden Akzessionen hat.

Andererseits hat die Akzession PET 125 eine durchschnittliche genetische Distanz von 0,43 zur var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* des Clusters 1, welche eine mittlere genetische Distanz von 0,26 zwischen den entsprechenden Akzessionen zeigt.

Ebenfalls fallen zwei Akzessionen im Dendrogramm auf der linken Seite des Clusters 2 mit größer genetischer Distanz gegenüber den anderen Akzessionen des Clusters 2 als Ausreißer auf.

Einer der beiden Genotypen ist PET 145 der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum*, der eine mittlere genetische Distanz von 0,45 zur var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* des Clusters 2, welche wiederum eine durchschnittliche genetische Distanz von 0,23 zwischen den entsprechenden Akzessionen hat, vorweist.

Das andere Prüfmitglied ist PET 124 der var. *crispum* des molekularen Clusters 2, das sich von den übrigen Genotypen dieser Varietät, welche sich im molekularen Cluster 1 positionieren, mit einer mittleren genetischen Distanz von 0,89 entfernt. Die Akzessionen der var. *crispum* ohne PET 124 inklusive der 9 Übergangstypen bezüglich der Blattkräuselung aus den Varietäten *crispum* und *vulgare* / *neapolitanicum* weisen eine durchschnittliche genetische Distanz von 0,18 untereinander auf (Abbildung 3.4, Tabellen 7.5 und 7.10).

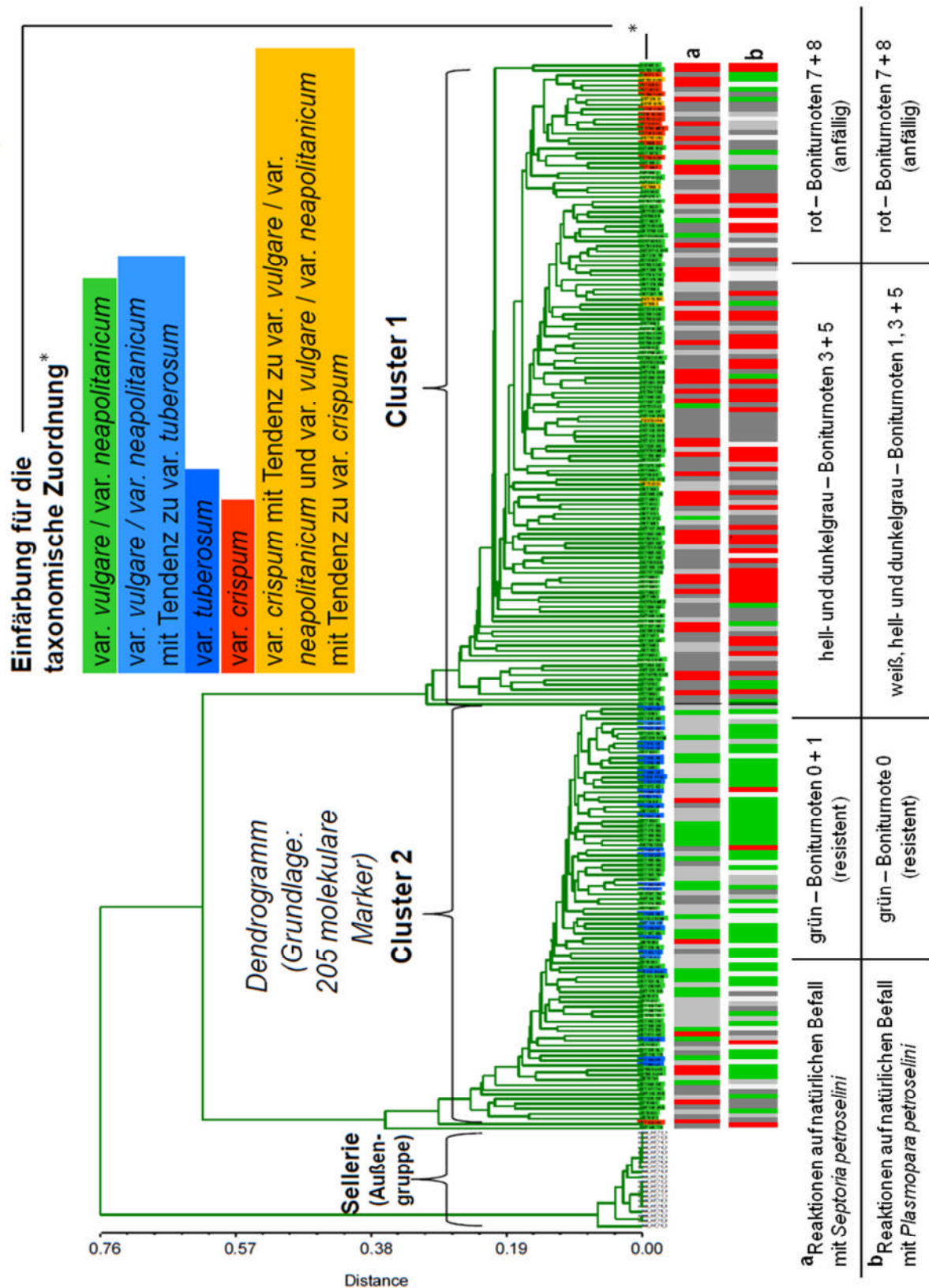


Abb. 3.4: Dendrogramm von *Petroselinum crispum* mit der Außengruppe aus Sellerie (*Apium graveolens*) auf der Basis 205 molekularer Marker mit Einfärbung für die taxonomische Zuordnung und Wirt-Parasit-Interaktionen - Quedlinburg

Beziehungen genetischer Cluster zu taxonomischen Zuordnungen

Die Akzessionen der *var. vulgare* / *var. neapolitanicum* verteilen sich deutlich auf beide molekularen Cluster, wobei der Schwerpunkt mit 110 von 168 auf dem Cluster 1 liegt. Die drei Akzessionen der *var. vulgare* / *var. neapolitanicum* mit Tendenz zur *var. tuberosum* finden sich im molekularen Cluster 2 wieder, auch positionieren sich im molekularen Cluster 2 alle 25 Genotypen der *var. tuberosum*. Die Varietät *crispum* lässt bis auf eine Akzession eine Zuordnung der verbleibenden 13 Genotypen zum molekularen Cluster 1 zu. Die 9 Übergangstypen bezüglich der Blattkräuselung der *var. crispum* sowie der *var. vulgare* / *var. neapolitanicum* ordnen sich ausschließlich in das molekulare Cluster 1 ein (Tabelle 3.15).

Tab. 3.15: Häufigkeiten der Akzessionen von *Petroselinum crispum* nach infraspezifischen Taxa und Zugehörigkeiten zu molekularen Clustern

infraspezifisches Taxon	absolute Häufigkeiten im molekularen Cluster	
	1	2
<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	110	58
<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i> mit Tendenz zu <i>var. tuberosum</i>	0	3
<i>var. tuberosum</i>	0	25
<i>var. crispum</i>	13	1
<i>var. crispum</i> mit Tendenz zu <i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i> sowie <i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i> mit Tendenz zu <i>var. crispum</i>	9	0
absolut im molekularen Cluster kumuliert	132	87
relativ im molekularen Cluster kumuliert [%]	60,3	39,7

Beziehungen genetischer Cluster zu morphologischen Merkmalen

Die Korrelationskoeffizienten der Ausprägungen morphologischer Merkmale zu den molekularen Clustern sind mit $r_s = 0,44$ bzw. $r_s = -0,44$ am höchsten bei der Wurzelverdickung und der Wurzelverholzung zum molekularen Cluster 1 oder 2. Die Blattkräuselung zeigt hingegen eine deutlich geringere Korrelation zu den molekularen Clustern 1 und 2 von $r_s = -0,23$ (Tabelle 3.16).

Tab. 3.16: Korrelationen des molekularen Clusters zu morphologischen Merkmalen

	Blattkräuselung - GAT - r_s	Wurzelverdickung - QLB - r_s	Wurzelverholzung - QLB - r_s
molekulare Cluster **	-0,23*	0,44*	-0,44*

*Korrelation (Spearman), signifikant für $p \leq 0,05$;

**molekulares Cluster 1 = Ereignis 1 und molekulares Cluster 2 = Ereignis 2

Beziehungen genetischer Cluster zu Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini*

Die Korrelationskoeffizienten zwischen den molekularen Clustern 1 und 2 zu den Anfälligkeiten für *S. petroselini* ($r_s = -0,52$) und *P. petroselini* ($r_s = -0,59$), sind auf ähnlich hohem Niveau (Tabelle 3.17). Die Akzessionen mit den höheren Boniturnoten für *S. petroselini* und *P. petroselini* häufen sich innerhalb des molekularen Clusters 1. Entsprechend sammeln sich im Cluster 2 vermehrt die Akzessionen mit den niedrigeren Boniturstufen für *S. petroselini* und *P. petroselini* (Abbildung 3.4).

Die Medianwerte der Boniturnoten aller Akzessionen im Cluster 1 betragen für *S. petroselini* und *P. petroselini* 5, im Cluster 2 für *S. petroselini* 3 und für *P. petroselini* 0. Nach dem Mann-Whitney U-Test unterscheiden sich die Akzessionen beider molekularer Cluster bezüglich der Boniturstufen für *S. petroselini* und *P. petroselini* signifikant für $p \leq 0,05$.

Es gibt allerdings auch Akzessionen, die sich deutlich gegenläufig zu der zuvor beschriebenen Tendenz bezüglich der höheren Pathogenanfälligkeit im molekularen Cluster 1 gegenüber Cluster 2 verhalten. So sind die Akzessionen PET 192, PET 195, PET 211, PET 215 und PET 217 des molekularen Clusters 1 gegenüber *S. petroselini* mit der Boniturnote 1 sehr schwach anfällig. Auch zeigen die Genotypen PET 24, PET 55, PET 67, PET 70, PET 80, PET 94, PET 125, PET 137, PET 187, PET 199, PET 201, PET 220 und PET 222 des Clusters 1 gegen *P. petroselini* mit der Boniturnote 0 keinen Befall.

Dem gegenüber sind die Prüfglieder PET 50, PET 51, PET 68, PET 71, PET 95, PET 124 und PET 189 aus dem molekularen Cluster 2 mit den Boniturnoten 7 und 8 gegenüber *S. petroselini* stark befallen. Weiterhin zeigen die Akzessionen PET 4, PET 6, PET 145 und PET 155 des Clusters 2 gegen *P. petroselini* die Boniturnote 7.

Tab. 3.17: Korrelationen der molekularen Cluster zum Befall durch *S. petroselini* und *P. petroselini*

	Befall - <i>S. petroselini</i> - QLB - r_s	Befall - <i>P. petroselini</i> - QLB - r_s
molekulare Cluster **	-0,52*	-0,59*

*signifikant für $p \leq 0,05$; ** molekulares Cluster 1 = Ereignis 1 und molekulares Cluster 2 = Ereignis 2

Ergänzend zu den Abbildungen 3.1a+b, 3.2a+b und 3.3 werden die infraspezifischen Taxa der Akzessionen, erweitert um ihre Zuordnung zu den molekularen Clustern des Dendrogramms, in der Verteilung auf dem Anbauplan dargestellt. Die Akzessionen der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* zeigen eine Ungleichverteilung bezüglich ihrer Zuordnung zu den molekularen Clustern des Dendrogramms über den Anbauplan (Abbildung 3.5).

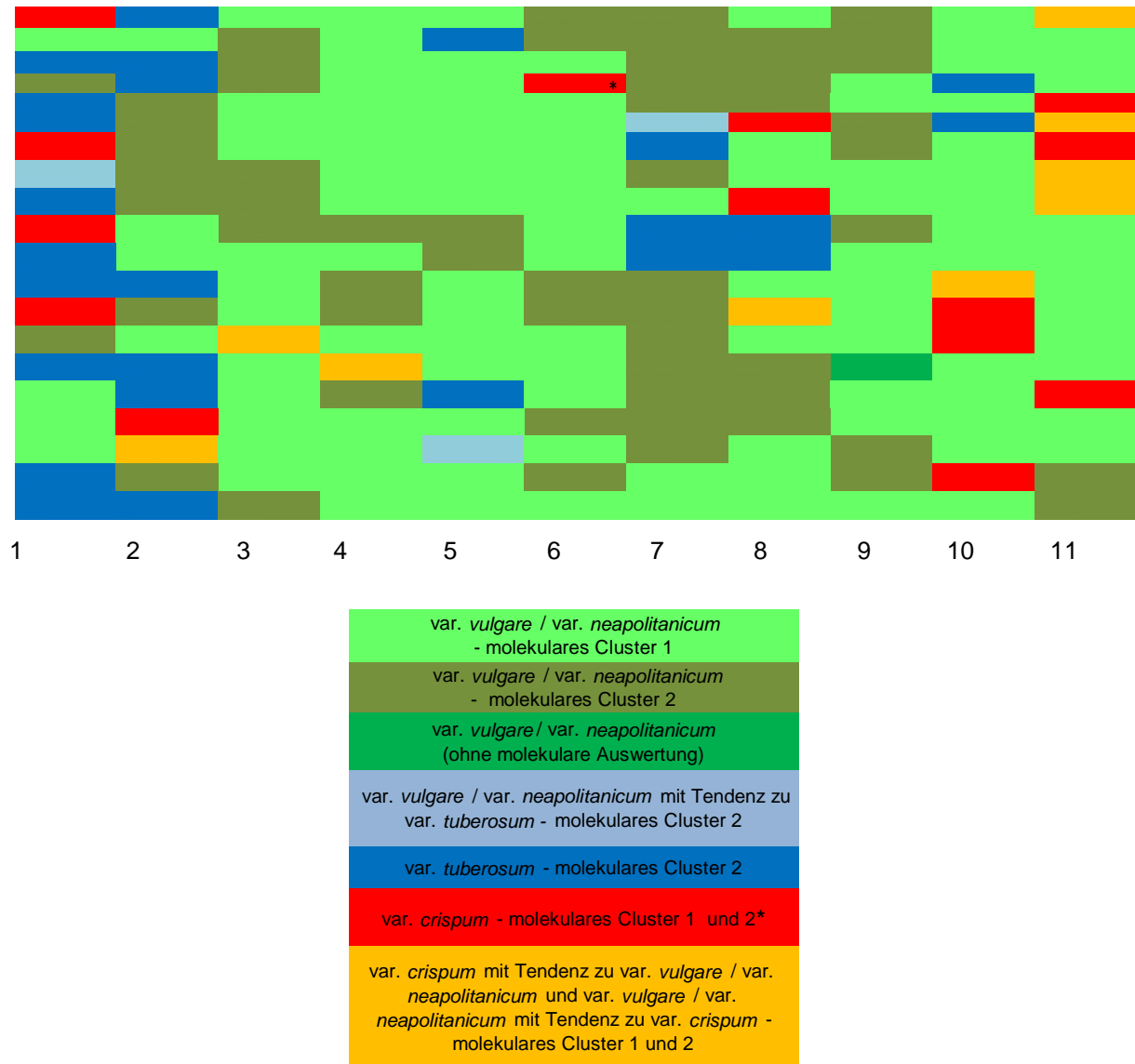


Abb. 3.5: Verteilung der Akzessionen nach infraspezifischen Taxa und molekularer Zuordnung innerhalb des Dendrogramms; Darstellung des an den beiden Standorten QLB und GAT identischen Anbauplanes von 220 Petersilienherkünften

Beziehungen genetischer Cluster zu volatilen organischen Verbindungen

Die Beziehungen zwischen den molekularen Clustern und der Höhe des Gehaltes von VOCs sind nicht unerheblich. Die Korrelationskoeffizienten der zu den molekularen Clustern relativ stark negativ korrelierenden Substanzen α 75, Terpinenol, p-Menthenol, Sesquiphellandren und (*Z*)-3-Hexenol reichen von $r_s = -0,59$ bis $r_s = -0,73$. Die zu den molekularen Clustern rela-

tiv stark positiv korrelierenden VOCs Hexanal, Dimethylstyrol, a40, (β)-Myrcen und (*E*)-Hexenal zeigen Korrelationskoeffizienten von $r_s = 0,48$ bis $r_s = 0,74$. In den Gehalten relativ gering mit der Zuordnung zu den molekularen Clustern einhergehende VOCs sind Myristicin, Cymenol, a80 und a95 (Tabelle 3.18).

Tab. 3.18: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zu molekularen Clustern der Petersilien-Akzessionen

Substanz**	molekulare Cluster*** - r_s
(Z)3-Hexenol	-0,73*
Sesquiphellandren	-0,72*
p-Menthenol	-0,70*
Terpinenol	-0,67*
a75	-0,59*
a76	-0,59*
(γ)-Terpinen	-0,58*
Myristicin	-0,20*
Cymenol	-0,10
a80	0,24*
a95	0,34*
Hexanal	0,48*
Dimethylstyrol	0,54*
a40	0,60*
(β)-Myrcen	0,64*
(E)2-Hexenal	0,74*

*signifikant für $p \leq 0,05$; **aufsteigend geordnet nach r_s , jeweils 4 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zum Merkmal korrelieren, sind fett gedruckt

***molekulares Cluster 1 = Ereignis 1 und molekulares Cluster 2 = Ereignis 2

Beziehungen genetischer Distanzcluster zu Clustern volatiler organischer Verbindungen einer Hauptkomponentenanalyse

Die Hauptkomponentenanalyse, welche auf der Basis von 42 VOCs entstanden ist, bildet 219 Petersilienakzessionen in zwei Clustern ab. Dabei hat das Cluster a eine ähnliche Zusammensetzung bezüglich der Genotypen wie das molekulare Cluster 1 des Dendrogramms, und das Cluster b entspricht größtenteils dem molekulargenetischen Cluster 2. Es gibt jedoch keine absolute Übereinstimmung zwischen den Clustern der PCA und den molekularen Clustern. Insgesamt erscheinen 10 Akzessionen, die zwischen der Zuordnung zu den PCA-Clustern und den molekularen Clustern differieren. Sechs dieser Genotypen befinden sich im PCA-Cluster a (PET 49, PET 68, PET 71, PET 97, PET 124, PET 145) und vier dieser Akzessionen liegen im PCA-Cluster b (PET 48, PET 67, PET 70, PET 125). Weiterhin gibt es vier Petersiliengenotypen, die durch die PCA weder Cluster a noch Cluster b zugeordnet werden können (PET 29, PET 90, PET 94, 07/802), da diese Akzessionen zwischen den PCA-Clustern liegen (Tabelle 7.1). Der Faktor 1 hat einen Anteil an der gesamten Varianz

der Akzessionen durch die VOCs von 27,30 %, Faktor 2 von 16,47 %, und Faktor 3 spiegelt einen Anteil von 8,92 % wider (Abbildung 3.6a+b).

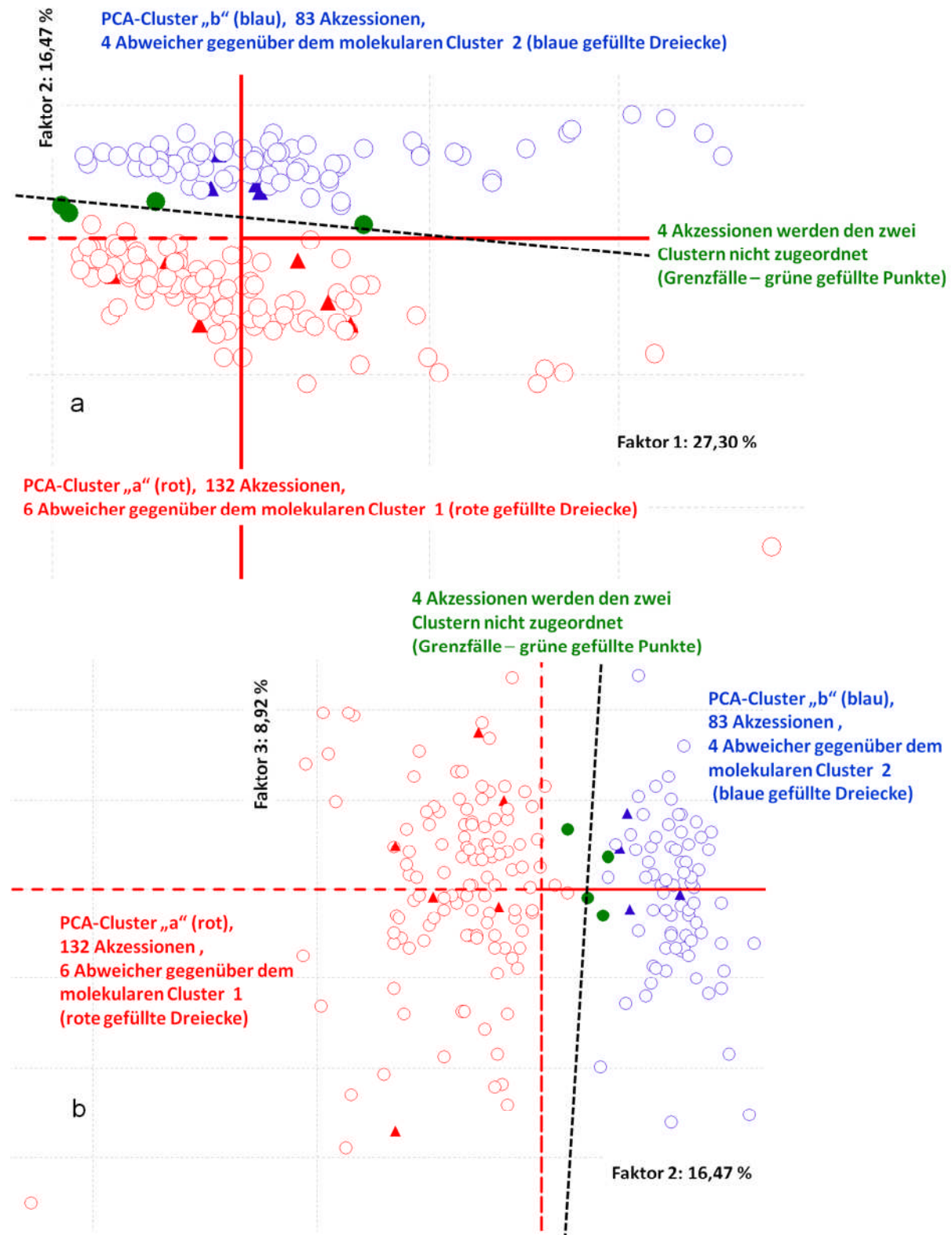


Abb. 3.6: 219 Akzessionen von *Petroselinum crispum* nach einer Hauptkomponenten-Analyse auf der Basis 42 volatiler organischer Verbindungen nach Faktor 1 x 2 (a) und Faktor 2 x 3 (b)

3.2 Assoziationsstudie-Weltsortiment

Populationsstruktur

Die Wahrscheinlichkeitskurve $L(K)$ erreicht bei einer Anzahl an Untergruppen von $K = 2$ ein Plateau und wird maximal, weshalb nach Evanno *et al.* (2005) die Entscheidung über die Anzahl der Untergruppen auf zwei fällt (Abbildung 3.7).

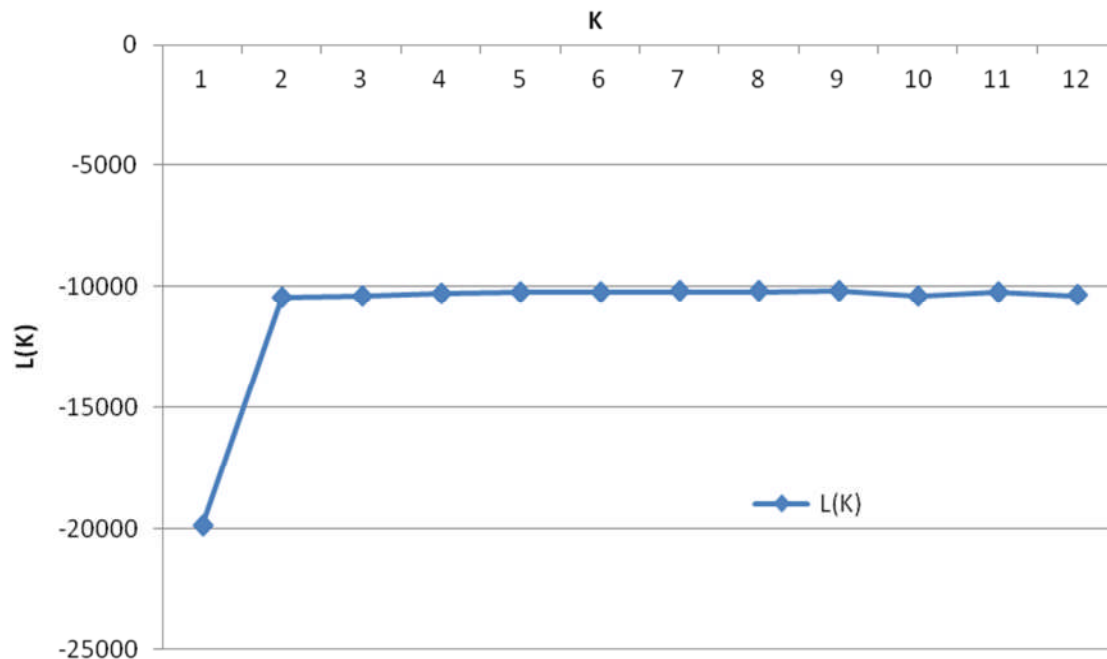


Abb. 3.7: Likelihood Funktion $L(K)$ über die Anzahl Untergruppen von 1 bis 12

Die sich durch die Populationsstrukturanalyse ergebenden zwei Untergruppen innerhalb der Gesamtpopulation Petersilie ($n = 219$), werden als Q1 und Q2 bezeichnet und beinhalten 132 bzw. 87 Genotypen (Tabelle 7.1). Von den innerhalb der Gesamtpopulation 181 molekularen Markern mit einer $MAF \geq 5\%$ sind in der Untergruppe Q1 181 polymorph, 38 Marker haben eine $MAF < 5\%$, 143 hingegen eine $MAF \geq 5\%$. In der Untergruppe Q2 sind von den 181 molekularen Markern mit einer $MAF \geq 5\%$ innerhalb der Gesamtpopulation Petersilie noch 169 polymorph, 52 Marker haben eine $MAF < 5\%$, 117 eine $MAF \geq 5\%$ (Tabelle 3.19).

Tab. 3.19: Anzahl der Akzessionen der Gesamtpopulation Petersilie, pro Untergruppe und Anzahl der polymorphen molekularen Marker mit / ohne „minor allele frequency“ von 5 %

Gruppen	Anzahl Akzessionen	Marker gesamt	davon polymorphe Marker	monomorphe Marker	polymorphe Marker mit einer MAF < 5%	polymorphe Marker mit einer MAF \geq 5%
Gesamtpopulation - <i>Pet. crisp.</i>	219	205	188	17	7	181
Q1	132	181*	181	0	38	143
Q2	87	181*	169	12	52	117

*Anzahl auf der Basis der Gesamtpopulation *Pet. crisp.* mit MAF \geq 5%

Neben den Akzessionen, die eine vollkommene oder nahezu 100 %-ige Wahrscheinlichkeit für eine Untergruppe haben, gibt es auch Petersiliengenotypen, die zwar mit größerer Wahrscheinlichkeit einer der beiden Untergruppen zugeordnet werden können, jedoch eine nicht unerhebliche Wahrscheinlichkeit für die Einordnung in die jeweils konträre der beiden Untergruppen aufweisen (Abbildung 3.8).

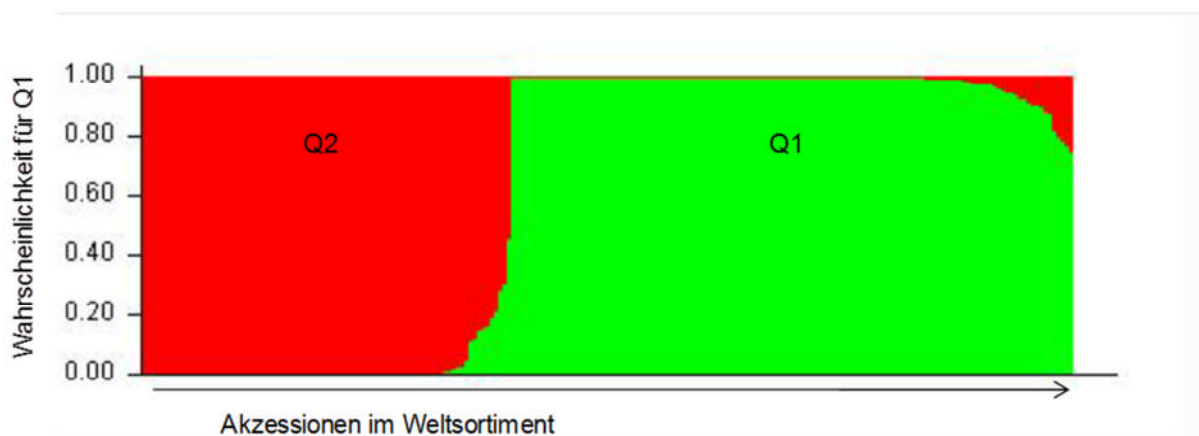


Abb. 3.8: Wahrscheinlichkeiten der Petersilien-Akzessionen für die Zugehörigkeit zu den zwei Untergruppen Q1 und Q2

Eine 100 %-ige Wahrscheinlichkeit zu der entsprechenden Untergruppe kann nur bei 5 Akzessionen festgestellt werden. Diese 5 Genotypen sind der Untergruppe Q2 zuzuordnen. Die Mehrheit, 187 der 219 Genotypen, haben Wahrscheinlichkeiten für die jeweilig zugeordnete Untergruppe von $Q > 95$ %. Alle Akzessionen, die mindestens in geringem Maß eine Blattkräuselung vorweisen, bis auf den Genotypen PET 124, sowie alle Akzessionen der var. *tuberosum* sowie der Prüfglieder mit Tendenz zur var. *tuberosum* haben Wahrscheinlichkei-

ten für die entsprechenden Untergruppen von $Q > 95 \%$. Die Akzessionen mit einer Wahrscheinlichkeit $\leq 95 \%$ für die eigene Untergruppe sind fast ausschließlich Typen des infraspezifischen Taxons *var. vulgare* / *var. neapolitanicum*, welche sich auf beide Untergruppen verteilen.

Wahrscheinlichkeiten für die entsprechende Untergruppe von $Q > 90 \%$ bis 95% haben 7 Genotypen und weitere 11 Prüfglieder Wahrscheinlichkeiten von $> 80 \%$ bis 90% . Wahrscheinlichkeiten für die jeweilig zugeordnete Untergruppe von $\leq 80 \%$ weisen 8 Akzessionen auf, unter denen der Genotyp PET 124 mit einer Wahrscheinlichkeit für die entsprechend konträre Untergruppe von 30% zu finden ist. Die höchste Wahrscheinlichkeit für die gegensätzliche Untergruppe zeigt jedoch die Akzession PET 145 mit $45,7 \%$. Weitere Genotypen mit Wahrscheinlichkeiten für die jeweilig zugeordnete Untergruppe von $\leq 80 \%$ zeigen PET 29, PET 63, PET 64, PET 67, PET 103 und PET 125.

Die Akzessionen in ihren Häufigkeiten nach den Wahrscheinlichkeiten für die entsprechend anzunehmende Untergruppe sowie den infraspezifischen Taxa sind in den Tabellen 3.20a+b dargestellt.

Tab. 3.20a: Absolute Häufigkeiten der Genotypen nach Wahrscheinlichkeiten für die Zugehörigkeit zur Untergruppe Q1 und nach infraspezifischen Taxa

Wahrscheinlichkeit für Q1 [%]	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i> *	<i>var. tuberosum</i>	<i>var. crispum</i>	<i>var. crispum</i> **	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i> ***	Gesamt
100	0	0	0	0	0	0	0
> 95 bis < 100	94	0	0	13	2	7	116
> 90 bis 95	7	0	0	0	0	0	7
> 80 bis 90	5	0	0	0	0	0	5
> 70 bis 80	4	0	0	0	0	0	4
≤ 70	0	0	0	0	0	0	0

var. vulgare* / *var. neapolitanicum* mit Tendenz zu *var. tuberosum*; *var. crispum* mit Tendenz zu *var. vulgare* / *var. neapolitanicum*; ****var. vulgare* / *var. neapolitanicum* mit Tendenz zu *var. crispum*

Tab. 3.20b: Absolute Häufigkeiten der Genotypen nach Wahrscheinlichkeiten für die Zugehörigkeit zur Untergruppe Q2 und nach infraspezifischen Taxa

Wahrscheinlichkeit für Q2 [%]	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i> *	<i>var. tuberosum</i>	<i>var. crispum</i>	<i>var. crispum</i> **	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i> ***	Gesamt
100	3	0	2	0	0	0	5
> 95 bis < 100	46	3	23	0	0	0	72

Tab. 3.20b: fortgesetzt

Wahrscheinlichkeit für Q2 [%]	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> *	var. <i>tuberosum</i>	var. <i>crispum</i>	var. <i>crispum</i> **	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> ***	Gesamt
> 90 bis 95	0	0	0	0	0	0	0
> 80 bis 90	6	0	0	0	0	0	6
> 70 bis 80	2	0	0	0	0	0	2
≤ 70	1	0	0	1	0	0	2

*var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* mit Tendenz zu var. *tuberosum*; **var. *crispum* mit Tendenz zu var. *vulgare* / var. *neapolitanicum*; ***var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* mit Tendenz zu var. *crispum*

Assoziationen molekularer Marker

Innerhalb der Untergruppen Q1 und Q2 konnten 181 bzw. 169 polymorphe Marker verrechnet werden. Die paarweise mittlere Assoziation zwischen allen molekularen Markern sinkt beim Übergang der Betrachtung der gesamten Petersilienpopulation zu jeder der beiden Untergruppen Q1 und Q2 vom „Bestimmtheitsmaß“ (r_s^2) = 0,3 auf r_s^2 = 0,02 bzw. r_s^2 = 0,04. Ebenfalls sinkt die Anzahl der signifikanten molekularen Markerpaare (gesamte Population von *Petroselinum crispum*: n = 13105; Q1: n = 316; Q2: n = 269) vom Übergang der Betrachtung der Gesamtpopulation auf die Untergruppen Q1 und Q2. Nur der Mittelwert der r_s^2 -Werte der signifikanten Markerpaare innerhalb der Untergruppe Q1 weist eine Differenz von r_s^2 = 0,14 gegenüber der Gesamtpopulation auf, der durchschnittliche r_s^2 -Wert der Markerpaare innerhalb Q2 ist mit 0,36 identisch dem der Gesamtkollektion.

Die Anzahl signifikant eng assoziierter Markerpaare verringert sich beim Übergang der Betrachtung der gesamten Petersilienpopulation zu jeder der beiden Untergruppen Q1 und Q2 erheblich (Gesamtkollektion: n = 3372; Q1: n = 17; Q2: n = 44). Die durchschnittlichen r_s^2 -Werte der entsprechend eng assoziierten Markerpaare sind innerhalb der Untergruppen etwas höher als in der gesamten Kollektion (Gesamtkollektion: r_s^2 = 0,64; Q1: r_s^2 = 0,80; Q2: r_s^2 = 0,71). Auch die Anzahl perfekt assoziierter Markerpaare (r_s^2 = 1) ist in den Untergruppen höher als innerhalb der Gesamtkollektion (Gesamtkollektion: n = 7; Q1: n = 9; Q2: n = 9) (Tabelle 3.21).

Detaillierte Analysen der Assoziationen aller 181 molekularen Marker über die 219 Petersilienakzessionen sowie über die Akzessionen innerhalb der zwei Untergruppen sind im Anhang (Abbildungen 7.1, 7.2, 7.3) zu finden.

Tab. 3.21: Assoziationen aller für die MTA-Berechnung verwendeten molekularen Marker der Gesamtpopulation-Petersilie und der Assoziationen aller polymorphen molekularen Marker für jede der beiden Untergruppen

Gruppen	Anzahl - polymorpher Marker	Markerpaare insgesamt	MW von r_s^2 aller Paare	signifikante Paare insgesamt	MW von r_s^2 aller signifikanten Paare	Anzahl signifikant eng assoziierter* Paare	MW von r_s^2 aller eng assoziierten* Paare	% signifikant eng assoziierter* Paare zu allen	Anzahl Paare in perfekter Assoziation, $r_s^2 = 1$
Gesamtpopulation – <i>Pet. crisp.</i>	181**	16290	0,30	13105	0,36	3372	0,64	20,70	7
Q1	181***	16290	0,02	316	0,22	17	0,80	0,10	9
Q2	169***	14196	0,04	269	0,36	44	0,71	0,31	9

*eng assoziiert bei $r_s^2 \geq 0,5$ mit $p \leq 0,01$; **MAF $\geq 5\%$;
 ***alle polymorphen molekularen Marker innerhalb der Untergruppe

Molekularer Marker-Merkmal-Assoziationen

Für die Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselinii* und *P. petroselinii*, die morphologischen Merkmale Wurzelverholzung, -verdickung und Blattkräuselung sowie volatile organische Verbindungen konnten molekulare Markerkandidaten berechnet werden. Dabei ergaben sich Kandidaten, die für mehrere Merkmale zutreffen wie z.B. OPA09+OPA10-605 für einige VOCs (z.B. (β)-Myrcen, Dimethylstyrol, (*E*)2-Hexenal, Hexanal, α 75, (*Z*)3-Hexenol und Terpinenol) oder me1+em2-423 für die Verholzung der Wurzel, den Befall durch *S. petroselinii* und *P. petroselinii* sowie mehrere VOCs (z.B. (β)-Myrcen, Dimethylstyrol, (*E*)2Hexenal, Hexanal, (*Z*)3-Hexenol, Sesquiphellandren und Myristicin).

Molekularer Marker-morphologisches Merkmal-Assoziationen

Für die Blattkräuselung gibt es drei Markerkandidaten (OPA13+OPA14-750, me1+em3-435 und EATT/MCCG-145), die für kein weiteres Merkmal zutreffen. Die Effekte für diese Marker betragen 0,12 bis 0,26.

Lediglich ein Markerkandidat (OPB04-489) konnte hinsichtlich der Wurzelverdickung gefunden werden, der jedoch nicht für die Wurzelverholzung gezeigt wird.

Bezüglich der Verholzung der Wurzel konnten mehrere Marker aufgezeigt werden, wobei bspw. OPA03+OPA04-138, me1+em6-361 und OPA03+OPA04-265 nicht unerhebliche Effekte von -0,35 bis -0,44 haben.

Die molekularen Markerkandidaten für beide Wurzelmerkmale schwanken hinsichtlich der Effekte im absoluten Betrag von 0,14 bis 0,76 (Tabelle 3.22).

Tab. 3.22: Molekulare Markerkandidaten für ausgewählte morphologische Merkmale mit korrigierter Irrtumswahrscheinlichkeit und Effekt

Merkmale*	Locus	p-Wert - Marker**	Effekt***
Blattkräuselung - GAT	OPA13+OPA14-750	0,000001	0,16
Blattkräuselung - GAT	me1+em3-435	0,000016	-0,26
Blattkräuselung - GAT	EATT/MCCG-145	0,000126	-0,12
Wurzelverdickung - QLB	OPB04-489	0,000077	-0,14
Wurzelverholzung - QLB	OPA03+OPA04-138	0,000000	-0,44
Wurzelverholzung - QLB	OPA03+OPA04-265	0,000029	-0,35
Wurzelverholzung - QLB	me1+em2-423	0,000000	-0,76
Wurzelverholzung - QLB	me1+em6-361	0,000018	-0,39
Wurzelverholzung - QLB	me1+em17-538	0,000001	-0,28

*für jedes Merkmal wurde der molekulare Marker mit dem höchsten Effekt fett gedruckt; **alle Marker statistisch signifikant nach adjustiertem p-Wert durch Bonferroni-Korrektur; ***bei Markerbande vorhanden bzw. Ereignis = 1

Molekularer Marker-Wirt-Parasit-Interaktion-Assoziationen

Die Interaktionen vom Wirt mit den Pathogenen *S. petroselini* und *P. petroselini* zeigen drei identische molekulare Markerkandidaten (me1+me2-423, me1+me4-494 und EATT/MCCC-183). Diese dokumentieren ebenfalls größtenteils nicht unerhebliche Effekte für den Befall mit *S. petroselini* (-3,77; 2,58; 1,69) und *P. petroselini* (-2,70; 2,10; 1,80). Neben diesen drei gemeinsamen Markerkandidaten hat der nur für *S. petroselini* gültige Markerkandidat OPA03+OPA04-265 den relativ großen Effekt von 2,53 sowie der ausschließlich für *P. petroselini* vorgeschlagene Markerkandidat me1+em6-361 den nicht unwesentlichen Effekt von -2,65. Es gibt darüber hinaus weitere nur für jeweils ein Pathogen aufgezeigte Markerkandidaten (für *S. petroselini*: OPB01-1850, me1+em3-264 und EAAT/MCCT-94 sowie für *P. petroselini*: OPA11+OPA12-880 und EATT/MCCT-86), die jedoch tendenziell schwächere Effekte (für *S. petroselini*: von -1,40 bis 0,69 und für *P. petroselini*: von -1,32 bis 1,70) aufweisen (Tabelle 3.23).

Tab. 3.23: Molekulare Markerkandidaten für die Anfälligkeit gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* mit korrigierter Irrtumswahrscheinlichkeit und Effekt

Merkmale*	Locus	p-Wert - Marker**	Effekt***
Befall durch <i>S. petroselini</i> - QLB	OPB01-1850	0,000062	-1,40
Befall durch <i>S. petroselini</i> - QLB	OPA03+OPA04-265	0,000002	2,53
Befall durch <i>S. petroselini</i> - QLB	me1+em2-423	0,000000	-3,77
Befall durch <i>S. petroselini</i> - QLB	me1+em3-264	0,000129	-0,77
Befall durch <i>S. petroselini</i> - QLB	me1+em4-494	0,000000	2,58
Befall durch <i>S. petroselini</i> - QLB	EATT/MCCC-183	0,000000	1,69
Befall durch <i>S. petroselini</i> - QLB	EAAT/MCCT-94	0,000272	0,69

Tab. 3.23: fortgesetzt

Merkmale*	Locus	p-Wert - Marker**	Effekt***
Befall durch <i>P. petroselinii</i> - QLB	OPA11+OPA12-880	0,000232	1,70
Befall durch <i>P. petroselinii</i> - QLB	me1+em2-423	0,000000	-2,70
Befall durch <i>P. petroselinii</i> - QLB	me1+em4-494	0,000053	2,10
Befall durch <i>P. petroselinii</i> - QLB	me1+em6-361	0,000000	-2,65
Befall durch <i>P. petroselinii</i> - QLB	EATT/MCCC-183	0,000000	1,80
Befall durch <i>P. petroselinii</i> - QLB	EATT/MCCT-86	0,000010	-1,32

*für jedes Merkmal wurde der molekulare Marker mit dem höchsten Effekt fett gedruckt; **alle Marker statistisch signifikant nach adjustiertem p-Wert durch Bonferroni-Korrektur; ***bei Markerbande vorhanden bzw. Ereignis = 1

Molekularer Marker-volatile organische Verbindung-Assoziationen

Bei den MTAs der volatilen organischen Verbindungen finden sich einige molekulare Markerkandidaten (v.a. me1+me2-423, OPA09+OPA10-605, EATT/MCCT-107) mehrmals unter den Substanzen wieder. Unter anderem für Verbindungen wie (*E*)2-Hexenal, Hexenal, Dimethylstyrol oder (β)-Myrcen hat der Marker me1+me2-423 auf unterschiedlichen Niveaus die jeweils größten Effekte. Demgegenüber gibt es allerdings auch molekulare Marker wie z.B. me1+em6-773 für (β)-Myrcen, me1+em3-920 für (*E*)2-Hexenal und me1+em6-496 für (*Z*)3-Hexenol, die nur speziell bei einer Substanz vorkommen und auch moderate Effekte aufweisen (Tabellen 3.24a+b).

Tab. 3.24a: Molekulare Markerkandidaten für ausgewählte volatile organische Verbindungen mit tendenziell höherem Gehalt im molekularem Cluster 2 des Dendrogramms mit korrigierter Irrtumswahrscheinlichkeit und Effekt

Merkmale*	Locus	p-Wert - Marker**	Effekt***
a40	OPA09+OPA10-605	0,000088	2,19
a40	me1+em2-423	0,000000	-6,40
(β)-Myrcen	OPA09+OPA10-605	0,000013	546,20
(β)-Myrcen	me1+em2-423	0,000000	-1513,50
(β)-Myrcen	me1+em6-773	0,000006	879,59
(β)-Myrcen	EATT/MCCC-183	0,000242	-573,26
Dimethylstyrol	OPA09+OPA10-605	0,000000	347,85
Dimethylstyrol	OPA09+OPA10-1080	0,000000	565,04
Dimethylstyrol	me1+em2-423	0,000000	-767,80
Dimethylstyrol	EATT/MCCT-107	0,000125	270,84
(<i>E</i>)2-Hexenal	OPA09+OPA10-605	0,000030	133,04
(<i>E</i>)2-Hexenal	me1+em2-423	0,000000	-339,88
(<i>E</i>)2-Hexenal	me1+em3-920	0,000081	254,92
(<i>E</i>)2-Hexenal	EATT/MCCC-183	0,000000	-195,42

Tab. 3.24a: fortgesetzt

Merkmale*	Locus	p-Wert - Marker**	Effekt***
(E)2-Hexenal	EAAT/MCCT-74	0,000112	107,15
(E)2-Hexenal	EAAT/MCCT-97	0,000018	161,23
Hexanal	OPA09+OPA10-605	0,000000	11,05
Hexanal	me1+em2-423	0,000000	-25,36
Hexanal	me2+em18-671	0,000006	-9,71
Hexanal	EAAT/MCCT-97	0,000051	8,58
a80	OPA09+OPA10-605	0,000002	14,71
a80	OPA13+OPA14-1010	0,000007	13,96
a80	me1+em2-423	0,000000	-29,68
a80	EATT/MCCT-86	0,000052	-14,43
a95	OPA17+OPA18-780	0,000011	9,23
a95	me1+em2-423	0,000000	-7,53

*für jedes Merkmal wurde der molekulare Marker mit dem höchsten Effekt fett gedruckt; **alle Marker statistisch signifikant nach adjustiertem p-Wert durch Bonferroni-Korrektur; ***bei Markerbande vorhanden bzw. Ereignis = 1

Tab. 3.24b: Molekulare Marker Kandidaten für ausgewählte volatile organische Verbindungen mit tendenziell höherem Gehalt im molekularem Cluster 1 des Dendrogramms mit korrigierter Irrtumswahrscheinlichkeit und Effekt

Merkmale*	Locus	p-Wert - Marker**	Effekt***
a75	OPA09+OPA10-605	0,000000	4,11
a75	EATT/MCCT-107	0,000001	3,26
a76	OPA09+OPA10-297	0,000095	-11,10
a76	me1+em2-423	0,000001	-10,76
a76	EATT/MCCT-107	0,000008	7,55
(Z)3-Hexenol	OPA03+OPA04-210	0,000046	10,91
(Z)3-Hexenol	OPA09+OPA10-605	0,000000	17,85
(Z)3-Hexenol	OPA13+OPA14-1010	0,000061	-15,20
(Z)3-Hexenol	me1+em2-423	0,000134	-30,34
(Z)3-Hexenol	me1+em6-496	0,000000	16,92
(Z)3-Hexenol	EATT/MCCT-107	0,000000	20,06
Cymenol	OPA09+OPA10-605	0,000000	7,92
Cymenol	OPA09+OPA10-1080	0,000000	-30,06
Cymenol	me1+em2-423	0,000000	-18,91
Cymenol	EATT/MCCT-107	0,000125	9,90
(γ)-Terpinen	EATT/MCCT-107	0,000012	15,55
Myristicin	me1+em2-423	0,000000	-494,00
Myristicin	me1+em5-287	0,000068	250,16
p-Menthenol	OPA17+OPA18-677	0,000154	14,43
p-Menthenol	me1+em2-423	0,000000	-18,90
Sesquiphellandren	me1+em2-423	0,000000	-16,70

Tab. 3.24b: fortgesetzt

Merkmale*	Locus	p-Wert - Marker**	Effekt***
Terpinenol	OPA01+OPA02-521	0,000085	-21,12
Terpinenol	OPA09+OPA10-605	0,000000	25,72
Terpinenol	OPA11+OPA12-650	0,000125	-54,52
Terpinenol	OPA17+OPA18-780	0,000047	43,80
Terpinenol	EATT/MCCT-107	0,000088	19,02

*für jedes Merkmal wurde der molekulare Marker mit dem höchsten Effekt fett gedruckt; **alle Marker statistisch signifikant nach adjustiertem p-Wert durch Bonferroni-Korrektur; ***bei Markerbande vorhanden bzw. Ereignis = 1

Assoziationen molekularer Markerkandidaten

Die Assoziationen zwischen den 41 molekularen Markerkandidaten, die innerhalb der MTA-Verrechnung für Merkmale der Morphologie, Wirt-Parasit-Interaktionen und den Gehalt volatiler organischer Verbindungen aufgrund ihrer statistischen Signifikanz aufgeführt wurden, zeigen einen Mittelwert der Markerpaare von $r_s^2 = 0,36$. Durch Beschränkung der Assoziationen aller Markerpaare auf die signifikanten Paare sinkt die Anzahl der Paare von 820 auf 749 mit einem arithmetischem Mittel von $r_s^2 = 0,39$. Eng assoziiert mit einem durchschnittlichen r_s^2 -Wert von 0,62 sind 213 Markerpaare, was ca. 26 % aller Markerpaare entspricht. Perfekt steht keins der 820 Markerpaare in Beziehung (Tabelle 3.25). Eine detaillierte Darstellung der Assoziationen dieser 41 molekularen Markerkandidaten über die 219 Petersilienakzessionen ist im Anhang (Abbildung 7.4) zu finden.

Tab. 3.25: Assoziationen der 41 molekularen Markerkandidaten für die morphologischen Merkmale, die Anfälligkeit durch *S. petroselini* und *P. petroselini* und die volatilen organischen Verbindungen

	Anzahl-Marker	Paare insgesamt	MW von r_s^2 aller Paare	signifikante Paare insgesamt	MW von r_s^2 aller signifikanten Paare	Anzahl signifikant eng assoziierter** Paare	MW von r_s^2 aller eng assoziierten** Paare	% signifikant eng assoziierter** Paare zu allen	Anzahl Paare in perfekter Assoziation, $r_s^2 = 1$
Gesamt-population – <i>Pet. crisp.</i>	41*	820	0,36	749	0,39	213	0,62	25,98	0

*MAF \geq 5%; **eng assoziiert bei $r_s^2 \geq 0,5$ mit $p \leq 0,01$

3.3 Landrasse-Typen im Weltsortiment-Petersilie - geographische Ursprungsregionen

Insgesamt konnten 143 Akzessionen als „Landrasse“ (LR)-Typen bestimmt werden, wobei den Großteil mit 131 Akzessionen die Varietäten *vulgare* / *neapolitanicum* darstellen. Ein Genotyp gehört den Varietäten *vulgare* / *neapolitanicum* mit Tendenz zur var. *tuberosum* an.

Ein weiterer nicht unwesentlicher Teil bildet mit 9 LR-Typen die Varietät *tuberosum*. Die Häufigkeiten bezüglich der infraspezifischen Taxa der var. *crispum* und var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* mit Tendenz zur var. *crispum* betragen jeweils eins (Tabelle 3.26). Die Zuordnung aller Akzessionen des Weltsortiments-Petersilie zur Eigenschaft LR-Typ ist Tabelle 7.1 des Anhangs zu entnehmen.

Tab. 3.26: Häufigkeiten der Landrasse-Typen nach infraspezifischen Taxa

LR-Typen nach infraspezifischen Taxa	absolute Häufigkeiten	relative Häufigkeiten [%]
var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	131	91,61
var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>tuberosum</i>	1	0,70
var. <i>tuberosum</i>	9	6,29
var. <i>crispum</i>	1	0,70
var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	1	0,70

Beziehungen molekularer Cluster zu geographischen Herkünften

Durch eine Einordnung der geographischen Ursprungsregionen der Akzessionen in die molekularen Cluster positionieren sich die Genotypen aus Lybien, Tunesien und Marokko (molekulares Cluster 1: n = 2; molekulares Cluster 2: n = 12) sowie Albanien, Slowakei, Bulgarien und Rumänien (molekulares Cluster 1: n = 6; molekulares Cluster 2: n = 20) hauptsächlich im molekularen Cluster zwei. Hingegen konzentrieren sich die Akzessionen mit Ursprung in Spanien, Portugal und Frankreich (molekulares Cluster 1: n = 9; molekulares Cluster 2: n = 1) sowie Georgien, Irak und Syrien (molekulares Cluster 1: n = 40; molekulares Cluster 2: n = 7) deutlich im molekularen Cluster eins. Eine Region, die sich auf beide molekulare Gruppen relativ gleichmäßig verteilt, ist das Gebiet von Italien und Kroatien (molekulares Cluster 1: n = 24; molekulares Cluster 2: n = 22). Die relativen Häufigkeiten der Verteilung aller LR-Typen betragen für das molekulare Cluster eins 57 % und 43 % für das Cluster zwei (Tabelle 3.27). Die Zuordnung aller Akzessionen zu den geographischen Ursprungsregionen ist Tabelle 7.1 zu entnehmen.

Tab. 3.27: Häufigkeiten der Landrasse-Typen nach geographischer Herkunft, insgesamt und nach Zugehörigkeit zu den molekularen Clustern

geographische Regionen	absolute Häufigkeiten, molekulare Cluster 1 + 2	molekulares Cluster 1	molekulares Cluster 2
Libyen, Tunesien, Marokko	14	2	12
Albanien, Slowakei, Bulgarien, Rumänien	26	6	20
Georgien, Irak, Syrien	47	40	7
Spanien, Portugal, Frankreich	10	9	1
Italien, Kroatien	46	24	22
Gesamt	143	81	62
Gesamt relativ [%]	100	57	43

Beziehungen zwischen Landrasse-Typen und Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini*

Der Median der 143 Boniturnoten für *S. petroselini* ist 5 und für *P. petroselini* 3. Die Boniturskala beim Befall durch *S. petroselini* wird im Gegensatz zum Befall durch *P. petroselini* nicht komplett genutzt. Die am schwächsten befallene Akzession hat die Boniturnote Eins. Für den Befall durch *S. petroselini* beträgt das untere Quartil 3 und das obere Quartil 7. Das untere bzw. obere Quartil für den Befall durch *P. petroselini* beträgt 0 und 5. Die Varianzen für den Befall durch *S. petroselini* sind 4,00 und für *P. petroselini* 8,08 (Tabelle 3.28).

Tab. 3.28: Anzahl der bonitierten Prüfglieder sowie ausgewählte Lage- und Streuungsmaße bezüglich des Befalls durch *S. petroselini* und *P. petroselini* der LR-Typen

Pathogene	bonitierte Prüfglieder	Median	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartil	Varianz
Befall <i>S. petroselini</i> - QLB	143	5	1	8	3	7	4,00
Befall <i>P. petroselini</i> - QLB	143	3	0	8	0	5	8,08

Die nicht signifikanten r_s -Werte zwischen dem Befall durch *S. petroselini* bzw. *P. petroselini* und dem Ereignis – LR-Typ: ja oder nein liegen für *S. petroselini* bei 0,07 und für *P. petroselini* bei 0,01 (Tabelle 3.29).

Tab. 3.29: Korrelationen zwischen dem Befall durch *S. petroselini* bzw. *P. petroselini* und dem Ereignis – LR-Typ: ja oder nein

Eigenschaft	Befall - <i>S. petroselini</i> - QLB - r_s	Befall - <i>P. petroselini</i> - QLB - r_s
Landrasse – Typ*	0,07	0,01

*Ereignis: ja = 1 / nein = 0

Beziehungen zwischen Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini* und geographischen Herkünften

Die Häufigkeiten der Genotypen nach geographischer Region variieren stark. Die Zahlen reichen von 10 Akzessionen aus Spanien, Portugal und Frankreich bis zu 47 Prüfgliedern aus Georgien, Irak und Syrien. Der Median der Boniturnoten bezüglich *S. petroselini* und *P. petroselini* (3 bzw. 0) sowie das untere Quartil (*S. petroselini*: 0; *P. petroselini*: 0) bzw. das obere Quartil (*S. petroselini*: 3; *P. petroselini*: 1) der Akzessionen aus Albanien, Slowakei, Bulgarien und Rumänien sind am niedrigsten im Vergleich zu den übrigen Regionen.

Die höchsten Anfälligkeiten bezüglich *S. petroselini* und *P. petroselini* haben die LR-Typen aus Georgien, Irak und Syrien, da hier die Medianwerte für *S. petroselini* und *P. petroselini* gleichermaßen mit 5 sowie das obere und untere Quartil für beide Schaderreger auf demselben Niveau mit 5 bzw. 7 die vergleichsweise zu den verbleibenden Regionen höchsten Boniturnoten aufweisen. Die Boniturskalen für den Befall bezüglich beider Schaderreger werden nur durch die LR-Herkünfte der geographischen Region Italien / Kroatien ausgeschöpft. Alle weiteren Regionen zeigen Streuungen in den Boniturwerten, die die Skalen nur annähernd ausgenutzt haben.

Die Varianzen der Befallswerte durch *S. petroselini* zeigen Werte von ca. 3,1 bis 4,3 und für *P. petroselini* von ca. 6,6 bis 8,11 (Tabelle 3.30).

Tab. 3.30: Anzahl der bonitierten Prüfglieder sowie ausgewählte Lage- und Streuungsmaße bezüglich des Befalls durch *S. petroselini* und *P. petroselini* der LR-Typen nach der geographischen Herkunft

Pathogene	geographische Regionen	bonitierte Prüfglieder	Median	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartile	Varianz
<i>Septoria petroselini</i>	Libyen, Tunesien, Marokko	14	5	3	7	3	5	3,38
<i>Plasmopara petroselini</i>		14	3	0	8	0	5	6,63

Tab. 3.30: fortgesetzt

Pathogene	geographische Regionen	bonitierte Prüfglieder	Median	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartile	Varianz
<i>Septoria petroselini</i>	Albanien, Slowakei, Bulgarien, Rumänien	26	3	1	7	0	3	3,91
<i>Plasmopara petroselini</i>		26	0	1	7	0	1	8,11
<i>Septoria petroselini</i>	Georgien, Irak, Syrien	47	5	1	7	5	7	4,11
<i>Plasmopara petroselini</i>		47	5	0	7	5	7	7,76
<i>Septoria petroselini</i>	Spanien, Portugal, Frankreich	10	4	1	7	3	7	4,32
<i>Plasmopara petroselini</i>		10	4	0	7	0	7	7,23
<i>Septoria petroselini</i>	Italien, Kroatien	46	3	0	8	3	5	3,08
<i>Plasmopara petroselini</i>		46	3	0	8	0	7	7,76

Bezüglich der LR-Typen nach infraspezifischen Taxa und geographischen Herkünften bestehen die Regionen Libyen, Tunesien, Marokko sowie Georgien, Irak, Syrien ausschließlich aus Genotypen der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum*. Neben den deutlich höchsten Häufigkeiten der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* gibt es in der Region Albanien, Slowakei, Bulgarien und Rumänien weiterhin 5 Genotypen der var. *tuberosum*. Das Gebiet Italien und Kroatien zeigt darüber hinaus 4 Akzessionen der var. *tuberosum* und jeweils einen LR-Typ der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* mit Tendenz zu var. *crispum* sowie der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* mit Tendenz zu var. *tuberosum*. Die Region Spanien, Portugal und Frankreich weist einen Genotyp der var. *crispum* auf (Tabelle 3.31).

Tab. 3.31: Häufigkeiten der LR-Typen nach infraspezifischen Taxa und geographischen Herkünften

Geographische Regionen	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>tuberosum</i>	var. <i>tuberosum</i>	var. <i>crispum</i>	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>
Libyen, Tunesien, Marokko	14	0	0	0	0
Albanien, Slowakei, Bulgarien, Rumänien	21	0	5	0	0
Georgien, Irak, Syrien	47	0	0	0	0
Spanien, Portugal, Frankreich	9	0	0	1	0
Italien, Kroatien	40	1	4	0	1

3.4 Ausprägung der *Septoria petroselini*-Resistenz in weiteren Versuchen

Zwei der weiteren Versuche auf Resistenz gegen *S. petroselini* (VPc08/301, VPc09/311) bestehen aus 15 bzw. 16 Prüfgliedern mit jeweils drei „Wiederholungen“ (Wdh.), ein Versuch (*S. petroselini* 08/3) aus 12 Prüfgliedern mit zwei Wiederholungen und die Prüfgliederauswahl des Weltsortimentes (VPc07/31) aus sieben Prüfgliedern, die bis auf zwei Prüfglieder (PG 6 und 7 - zwei Wiederholungen) ohne Wiederholung eingeflossen sind. Der Medianwert der Boniturnoten ist mit Note 1 am niedrigsten beim Versuch VPc08/301 und am höchsten beim Versuch VPc09/311 (Note 4). Die Boniturskala bezüglich *S. petroselini* wird von den Prüfgliedzusammensetzungen nur fast vollständig ausgenutzt. Mit Ausnahme von VPc08/301 wurde Note 0 nie vergeben. In den übrigen Versuchen war Boniturnote 1 die niedrigste Stufe. Die anfälligste Boniturstufe war im Allgemeinen Note 7. Eine Ausnahme, bei dem Note 8 vergeben werden konnte, stellt *S. petroselini* 08/3 dar. Der Interquartilabstand ist bei VPc09/311 mit 6 am höchsten. Die weiteren Versuche haben mit 4 dieselben Interquartilabstände, nur dass der Interquartilabstand von *S. petroselini* 08/3 sich im Gegensatz zu dem von VPc08/301 und der Genotypenauswahl aus VPc07/31 auf einem höheren Niveau aufspannt (unteres Quartil: 3; oberes Quartil: 7). Die Varianz der Boniturnoten ist mit 6,40 am größten beim VPc09/311, gefolgt von *S. petroselini* 08/3 mit 6,07 und VPc08/301 mit 5,07. Die kleinste Varianz hat mit 4,44 die Prüfgliederauswahl VPc07/31.

Der mittlere Befall (AUDPC) konnte nur für VPc08/301, VPc09/311 und *S. petroselini* 08/3 dargestellt werden. Der Median des mittleren Befalls ist bei VPc08/301 (0,49 %) am niedrigsten und am höchsten bei *S. petroselini* 08/3 (2,13 %). Der Interquartilabstand zeigt bei diesem Versuch mit 13,72 % den höchsten Wert. VPc09/311 befindet sich mit einem Interquartilabstand von 4,54 % auf dem zweiten und VPc08/301 mit 2,90 % auf dem dritten Rang, wobei das untere und obere Quartil mit 0,08 % bzw. 2,98 % bei VPc08/301 auf dem niedrigsten Niveau innerhalb der drei betrachteten Versuche liegen. Die Varianz bei den mittleren Befallswerten ist bei *S. petroselini* 08/3 mit 76,73 am größten. VPc09/311 hat die zweithöchste Varianz mit 7,02, VPc08/301 findet sich mit einer Varianz von 5,20 auf Rang drei wieder (Tabelle 3.32).

Tab. 3.32: Anzahl der bonitierten Prüfglieder und ausgewählte Lage- und Streuungsmaße bezüglich des Befalls durch *S. petroselini* nach Boniturnote sowie mittlerer AUDPC in weiteren Versuchen

Versuche und Befallsmaße	Anzahl bonitierter PG (Wdh.)	Median	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartil	Varianz
VPc07/31 - QLB - 20.09.2007 Auswahl an Genotypen ähnlich den Resistenzversuchen <i>S. petroselini</i> 08/3, VPc08/301 und VPc09/311	7 (keine Wdh., 2 PG doppelt)	3	1	7	1	5	4,44

Tab. 3.32: fortgesetzt

Versuche und Befallsmaße	Anzahl bonitierter PG (Wdh.)	Median	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartil	Varianz
Klimakammerversuch 08/3 auf Resistenz gegen <i>S. petroselinii</i>:							
Median d. Wdh. der Boniturnoten 16 - dpi	12 (2 Wdh.)	3	1	8	3	7	6,07
mittlerer Befall aus AUDPC 10 bis 16 dpi (6 Tage) [%]	12 (2 Wdh.)	2,13	0,39	26,19	1,03	14,75	76,73
Freilandversuch VPc08/301 auf Resistenz gegen <i>S. petroselinii</i>:							
Median d. Wdh. der Boniturnoten - <i>S. petroselinii</i> - 25.09.2008	15 (3 Wdh.)	1	0	7	1	5	5,07
Mittlerer Befall aus AUDPC, 15.07.2008 bis 25.09.2008, pro Tag (72 Tage) [%]	15 (3 Wdh.)	0,49	0,00	8,18	0,08	2,98	5,20
Freilandversuch VPc09/311 auf Resistenz gegen <i>S. petroselinii</i>:							
Median d. Wdh. der Boniturnoten - <i>S. petroselinii</i> 30.09.2009	16 (3 Wdh.)	4	1	7	1	7	6,40
mittlerer Befall aus AUDPC, 13.06.2009 bis 30.09.2009, pro Tag (109 Tage) [%]	16 (3 Wdh.)	1,50	0,12	8,57	0,30	4,84	7,02

Bewertung der *Septoria petroselinii*-Resistenz innerhalb einer Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch-Petersilie

Die niedrigsten Befallswerte durch natürliche Infektion zeigen innerhalb der Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch VPc07/31 ähnlich den weiteren Resistenzversuchen *S. petroselinii* 08/3, VPc08/301 und VPc09/311 die drei Grundpopulationen P516/0 (PG 2), P656/0 (PG 3) und P662/0 (PG 4) mit der Boniturnote Eins. Die mäßig anfällige Sorte „Grüne Perle“ (PG 6) weist im Median zweier Wiederholungen mit der Boniturnote 4 den zweithöchsten Befall auf. Der anfällige Standard P510/0 (PG 7) hat im Median zweier Wiederholungen mit der Boniturnote 6 den höchsten Befallswert durch *S. petroselinii* (Tabelle 3.33).

Tab. 3.33: *S. petroselini*-Befall nach Boniturnoten mit Rangfolge der Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch ähnlich den Resistenzversuchen *S. petroselini* 08/3, VPc08/301 und VPc09/311

Prüfglied- Nummer (Nr.)	Grundpopulation/Sorte - VPc07/31	Prüfglied- Beschreibung	Befall <i>S.</i> <i>petroselini</i> - QLB - 20.09.2007	Rang**
1	P504/0	Grundpopulation	3	4
2	P516/0	Grundpopulation	1	1
3	P656/0	Grundpopulation	1	1
4	P662/0	Grundpopulation	1	1
5	P701/0	Grundpopulation	3	4
6	„Grüne Perle“	mäßig anfällige Sorte	4*	6
7	P510/0	anfälliger Stan- dard	6*	7

*Median der Boniturnoten zweier Wiederholungen dieser Prüfglieder;

**aufsteigend geordnet nach Boniturnote

Bewertung *Septoria petroselini*-resistenter Linien im Klimakammertest

Der Befall 16 dpi in Prozent befallener Blattfläche des Klimakammerversuches *S. petroselini* 08/3 zeigt nach künstlicher Infektion eine Rangkorrelation zwischen zwei Wiederholungen von $r_s = 0,89$ (signifikant für $p \leq 0,05$). Die Zahlen der EP pro Prüfglied reichen von 23 bis 120, gegenüber den weniger anfälligen Prüfgliedern verzeichnen die anfälligen häufig einen schneller steigenden Befallsverlauf. Zwischen der Befallsbonitur 16 dpi und dem mittleren Befall in Prozent der Blattfläche gibt es eine Rangkorrelation von $r_s = 0,97$ (signifikant für $p \leq 0,05$).

Der höchste mittlere Befall nach AUDPC konnte beim anfälligen Standard P09/510/0 (PG 12: 26,19 %) bonitiert werden, gefolgt von den beiden auf Anfälligkeit selektierten Linien P09/701/1-I₃* (PG 7: 18,05 %) und P09/701/1-I₃ (PG 8: 15,13 %) sowie der anfälligen Sorte „Gigante d'Italia“ (PG 11: 14,38 %). Der resistente Standard P09/656/0 (PG 5) hat einen mittleren Befall von 1,4 %, wird jedoch von den drei Linien P09/516/2-I₃* (PG 3: 0,41 %), P09/516/2-I₃ (PG 4: 0,66 %) und P09/662/1 (PG 6: 0,39 %) bezüglich der Resistenz übertroffen. Weiterhin sind die Linien P09/504/1-I₃* (PG 1: 2,57 %), P09/504/1-I₃ (PG 2: 1,63 %) und P09/701/2-I₃ (PG 10: 1,70 %) verhältnismäßig widerstandsfähig gegen *S. petroselini*. Die auf Resistenz selektierten Linien P09/701/2-I₃* (PG 9: 6,48 %) und P09/701/2-I₃ (PG 10: 1,70 %), welche auf dieselbe Grundpopulation wie die anfälligen Schwesterlinien P09/701/1-I₃* (PG 7) und P09/701/1-I₃ (PG 8) zurückgehen, setzen sich durch deutlich geringeren Befall von P09/701/1-I₃* (PG 7: 18,05 %) und P09/701/1-I₃ (PG 8: 15,13 %) ab, wobei P09/701/1-I₃* mehr Befall aufweist als P09/701/1-I₃ (Tabelle 3.34).

Tab. 3.34: *S. petroselini*-Befall nach Boniturnoten zu drei Terminen und mittlere AUDPC mit Rangfolge der Prüfglieder des Tests auf Resistenz gegen *S. petroselini* in der Klimakammer 08/3 sowie die geprüfte EP-Anzahl pro PG

PG - Nr.	PG Ursprung - <i>S. petroselini</i> 08/3	PG-Beschreibung	EP-Anzahl über 2 Wdh.	<i>S. petroselini</i> - 10 dpi	<i>S. petroselini</i> - 13 dpi	<i>S. petroselini</i> - 16 dpi	Mittlerer Befall – Blattfläche (AUDPC) [%]**	Rang***
1	P09/504/1-I ₃ *	auf Resistenz selektierte Linie	115	0	2	3	2,57	7
2	P09/504/1-I ₃	auf Resistenz selektierte Linie	24	0	2	3	1,63	5
3	P09/516/2-I ₃ *	auf Resistenz selektierte Linie	86	0	0,25	1	0,41	2
4	P09/516/2-I ₃	auf Resistenz selektierte Linie	24	0	1	2	0,66	3
5	P09/656/0	resistenter Standard	46	0	2	3	1,40	4
6	P09/662/1	auf Resistenz selektierte Linie	48	0	0,5	1,5	0,39	1
7	P09/701/1-I ₃ *	auf Anfälligkeit selektierte Linie	120	0	6	7	18,05	11
8	P09/701/1-I ₃	auf Anfälligkeit selektierte Linie	24	0	5	7	15,13	10
9	P09/701/2-I ₃ *	auf Resistenz selektierte Linie	72	0	3	5	6,48	8
10	P09/701/2-I ₃	auf Resistenz selektierte Linie	23	0	2	3	1,70	6
11	„Gigante d'Italia“	anfällige Sorte	24	0	5	7	14,38	9
12	P09/510/0	anfälliger Standard	44	0	6,5	8	26,19	12

I₃*-Inzuchtstufe 3, jedoch mehrere I₂-EP-Nachkommenschaften gemischt (Durchschnitt mehrerer I₃-Geschwisterpflanzen);

I₃-Inzuchtstufe 3, jedoch zwei I₂-EP-Nachkommenschaften gemischt (Durchschnitt zweier I₃-Geschwisterpflanzen);

AUDPC – mittlerer Befall von 10 dpi bis 16 dpi (6 Tage) pro Tag; *aufsteigend geordnet nach AUDPC

Bewertung *Septoria petroselini*-resistenter Linien in Freilandversuchen

Die Boniturergebnisse des Freilandversuches VPc08/301 ergaben nach natürlichem Schaderregerbefall signifikante ($p \leq 0,05$) Übereinstimmungen zwischen den drei Wiederholungen von $r_s = 0,80$ (a-b), $r_s = 0,81$ (a-c) und $r_s = 0,65$ (b-c) bei prozentual befallener Blattfläche pro Parzelle zum 25.09.2008. Die anfälligen Prüfglieder zeigten oft einen schneller ansteigenden Befallsverlauf als die weniger anfälligen Prüfglieder.

Mit deutlichem Abstand die höchste durchschnittliche AUDPC (8,18 %) und auch den stärksten Endbefall (Note 7) hat die Sorte „Gigante d'Italia“ (PG 15), gefolgt von den zwei anfälligen Linien P01/701/1-P₁ (PG 12: 4,44 %) und P01/701/1-I₁ (PG 13: 3,15 %).

Den niedrigsten Befallswert zeigt die Linie P01/656/1-P₁ (PG 7: 0,00 %), gefolgt von den Linien P01/662/1-P₁ (PG 10: 0,04 %), P01/504/1-P₁ (PG 2: 0,08 %) und P01/656/2-P₁ (PG 8: 0,09 %). Die Ausgangspopulationen P656/0 (PG 6), P662/0 (PG 9), P504/0 (PG 1) der Linien P01/656/1-P₁ (PG 7), P01/662/1-P₁ (PG 10), P01/504/1-P₁ (PG 2) und P01/656/2-P₁ (PG 8)

sind unter den vier resistenten Grundpopulationen die am schwächsten befallenen (0,16 %, 0,23 %, 0,74 %). Der resistente Standard P656/0 (PG 6) belegt unter den vier resistenten Grundpopulationen mit 0,16 % den ersten Rang.

Darüber hinaus sind die beiden Linien P01/516/1-P₁ (PG 4: 0,46 %) und P01/516/2-P₁ (PG 5: 0,49 %) relativ widerstandsfähig. Die Linie P01/701/2-P₁ (PG 14: 2,98 %), welche auf geringeren Befall aus P701/0 (PG 11: 1,12 %) selektiert wurde, hat einen nur marginal geringeren Befall als die entsprechenden Schwesterlinien P01/701/1-P₁ (PG 12: 4,44 %) und P01/701/1-I₁ (PG 13: 3,15 %), welche auf Anfälligkeit selektiert wurden (Tabelle 3.35).

Tab. 3.35: *S. petroselini*-Befall nach Boniturnoten zu drei Terminen und mittlere AUDPC mit Rangfolge der Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc08/301

PG - Nr.	PG Ursprung - VPc08/301	PG-Beschreibung	<i>S. petroselini</i> - 15.07. 2008	<i>S. petroselini</i> - 21.08. 2008	<i>S. petroselini</i> - 25.09. 2008	Mittlerer Befall – Blattfläche (AUDPC) [%]*	Rang**
1	P504/0	Grundpopulation	0	1	3	0,74	9
2	P01/504/1-P ₁	auf Resistenz selektierte Linie	0	0	1	0,08	3
3	P516/0	Grundpopulation	0	1	3	1,46	11
4	P01/516/1-P ₁	auf Resistenz selektierte Linie	0	1	1	0,46	7
5	P01/516/2-P ₁	auf Resistenz selektierte Linie	0	1	1	0,49	8
6	P656/0	resistenter Standard	0	0	1	0,16	5
7	P01/656/1-P ₁	auf Resistenz selektierte Linie	0	0	0	0,00	1
8	P01/656/2-P ₁	auf Resistenz selektierte Linie	0	0	0	0,09	4
9	P662/0	Grundpopulation	0	0	1	0,23	6
10	P01/662/1-P ₁	auf Resistenz selektierte Linie	0	0	0	0,04	2
11	P701/0	Grundpopulation	0,5	1	1	1,12	10
12	P01/701/1-P ₁	auf Anfälligkeit selektierte Linie	0	3	5	4,44	14
13	P01/701/1-I ₁	auf Anfälligkeit selektierte Linie	0	3	5	3,15	13
14	P01/701/2-P ₁	auf Resistenz selektierte Linie	0	1	5	2,98	12
15	„Gigante d'Italia“	anfällige Sorte	0	3	7	8,18	15

*AUDPC – mittlerer Befall vom 15.07.2008 bis 25.09.2008 (72 Tage) pro Tag;

**aufsteigend geordnet nach AUDPC;

P₁-auf Resistenz oder Anfälligkeit selektierte kleine Population von 10 bis 14 EP

Der natürliche Befall durch *S. petroselini* zeigte am 30.09.2009 Boniturnoten und eine daraus ermittelte AUDPC im Versuch VPc09/311 pro Parzelle, die zwischen den drei Wiederholungen signifikante ($p \leq 0,05$) Korrelationswerte von $r_s = 0,93$ (a-b), $r_s = 0,92$ (a-c) und $r_s = 0,91$ (b-c) ergaben.

Die Befallstärke bezüglich *S. petroselini* steigt im Verlauf der ersten Bonituren im Allgemeinen relativ langsam an, anfällige Genotypen haben jedoch häufig einen schneller ansteigenden Befallsverlauf als weniger anfällige Prüfglieder.

Die Prüfglieder mit der höchsten mittleren AUDPC sind die Sorte „Gigante d'Italia“ (PG 15: 8,57 %), der anfällige Standard P09/510/0 (PG 16: 5,78 %), die zwei auf Anfälligkeit selektierten Linien P09/701/1- I_3^* (PG 10: 5,78 %) und P09/701/1 - I_3 (PG 11: 4,86 %) und die auf Resistenz selektierte Linie P09/701/2 - I_3 (PG 13: 4,82 %). Als mäßig anfällig können die Grundpopulation P09/701/0 (PG 9: 2,18 %) und die auf Resistenz selektierte Linie P09/701/2 - I_3^* (PG 12: 2,60 %) sowie die Sorte „Grüne Perle“ (PG 14: 3,08 %) bezeichnet werden.

Der resistente Standard P09/656/0 (PG 7) nimmt mit 0,12 % (mittlere AUDPC) den ersten Rang bezüglich der geringsten Anfälligkeit ein.

Die auf Resistenz selektierten Linien P09/516/2- I_3 (PG 6: 0,20 %), P09/504/1- I_3^* (PG 2: 0,22 %), P09/516/2- I_3^* (PG 5: 0,25 %) und P09/504/1- I_3 (PG 3: 0,35 %) liegen gemeinsam auf einem niedrigen Niveau und folgen in den Rängen dem resistenten Standard P09/656/0 (PG 7). Im mittleren Befall folgen aufsteigend die Grundpopulationen P09/504/0 (PG 1: 0,56 %), P09/516/0 (PG 4: 0,73 %) und P09/662/0 (PG 8: 0,83 %) (Tabelle 3.36).

Tab. 3.36: *S. petroselini*-Befall nach Boniturnoten zu fünf Terminen und mittlere AUDPC mit Rangfolge der Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc09/311

PG - Nr.	PG Ursprung - VPc09/311	PG-Beschreibung	S. <i>petroselini</i> - 13.06. 2009	S. <i>petroselini</i> - 27.06. 2009	S. <i>petroselini</i> - 08.07. 2009	S. <i>petroselini</i> - 19.08. 2009	S. <i>petroselini</i> - 30.09. 2009	Mittlerer Befall – Blattfläche (AUDPC) [%]**	Rang***
1	P09/504/0	Grundpopulation	0	0	1	0	3	0,56	6
2	P09/504/1- I_3^*	auf Resistenz selektierte Linie	0	0	1	0	1	0,22	3
3	P09/504/1- I_3	auf Resistenz selektierte Linie	0	0	1	1	1	0,35	5
4	P09/516/0	Grundpopulation	0	0	0	1	3	0,73	7
5	P09/516/2- I_3^*	auf Resistenz selektierte Linie	0	1	1	0	1	0,25	4
6	P09/516/2- I_3	auf Resistenz selektierte Linie	0	0	1	0	1	0,20	2
7	P09/656/0	resistenter Standard	0	0	0	0	1	0,12	1
8	P09/662/0	Grundpopulation	0	0	1	1	3	0,83	8
9	P09/701/0	Grundpopulation	0	0	1	1	5	2,18	9
10	P09/701/1- I_3^*	auf Anfälligkeit selektierte Linie	0	0	0	3	7	5,78	14

Tab. 3.36: fortgesetzt

PG - Nr.	PG Ursprung - VPc09/311	PG-Beschreibung	S. <i>petroselini</i> - 13.06.2009	S. <i>petroselini</i> - 27.06.2009	S. <i>petroselini</i> - 08.07.2009	S. <i>petroselini</i> - 19.08.2009	S. <i>petroselini</i> - 30.09.2009	Mittlerer Befall – Blattfläche (AUDPC) [%]**	Rang***
11	P09/701/1 -I ₃	auf Anfälligkeit selektierte Linie	0	1	0	1	7	4,86	13
12	P09/701/2 -I ₃ *	auf Resistenz selektierte Linie	0	0	0	1	5	2,60	10
13	P09/701/2 -I ₃	auf Resistenz selektierte Linie	0	0	0	1	7	4,82	12
14	„Grüne Perle“	mäßig anfällige Sorte	0	0	0	3	5	3,08	11
15	„Gigante d'Italia“	anfällige Sorte	0	0	1	5	7	8,57	16
16	P09/510/0	anfälliger Standard	0	0	0	3	7	5,78	14

I₃*-Inzuchtstufe 3, jedoch mehrere I₂-EP-Nachkommenschaften gemischt (Durchschnitt mehrerer I₃-Geschwisterpflanzen);

I₃-Inzuchtstufe 3, jedoch zwei I₂-EP-Nachkommenschaften gemischt (Durchschnitt zweier I₃-Geschwisterpflanzen);

AUDPC - mittlerer Befall vom 13.06.2009 bis 30.09.2009 (109 Tage) pro Tag; *aufsteigend geordnet nach AUDPC

Der mittlere Befall über alle Wiederholungen der Linien aus dem Freilandversuch VPc09/311 korreliert signifikant ($r_s = 0,76$, $p \leq 0,05$) mit dem mittleren Befall der entsprechenden Linien aus dem Klimakammertest auf Resistenz gegen *S. petroselini* 08/3 über zwei Wiederholungen. Ebenso korrelieren die sieben sich entsprechenden Grundpopulationen bzw. Sorten aus dem Weltsortimentsversuch mit denen aus dem Versuch VPc09/311 im *S. petroselini*-Befall (mittlere AUDPC) mit $r_s = 0,87$ signifikant ($p \leq 0,05$). Die sich entsprechenden Grundpopulationen bzw. Sorten der Versuche VPc08/301 und VPc09/311 korrelieren mit $r_s = 0,71$ nicht signifikant (für $p \leq 0,05$) miteinander.

3.5 Beziehungen volatiler organischer Verbindungen zu Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* des Weltsortimentsversuches-Petersilie in weiteren Freilandversuchen

Volatile organische Verbindungen in einer Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch

Die höchsten Mittelwerte und Varianzen zeigen die Stoffe (β)-Myrcen, Dimethylstyrol und (*E*)-2-Hexenal, mit nicht unerheblichem Abstand gefolgt von Hexanal und (*Z*)-3-Hexenol.

Die geringsten Mittelwerte und Varianzen der Gehalte haben die VOCs α 40, (γ)-Terpinen und α 75, wobei die letzten beiden VOCs bei mindestens 25% der Genotypen unterhalb der Analyseschwelle liegen. Ebenfalls relativ gering sind die Mittelwerte und Varianzen der übrigen Substanzen Terpinenol, *p*-Menthenol und Sesquiphellandren, wovon die zwei zuletzt genannten VOCs nicht bei allen Akzessionen dieser Auswahl im Minimumgehalt vorhanden sind (Tabelle 3.37).

Tab. 3.37: Lage- und Streuungsmaße der Gehalte volatiler organischer Verbindungen der Genopyenauswahl aus dem Weltsortimentsversuches VPc07/31 ähnlich den weiteren Resistenzversuchen VPc08/301 und VPc09/311 bezüglich *S. petroselinii*

Substanzen	Mittelwert	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartil	Varianz
Hexanal	46,66	12,39	79,54	33,80	63,66	522
(β)-Myrcen	1708,69	301,71	4200,39	519,55	2413,21	2019339
(<i>E</i>)-2-Hexenal	511,62	16,61	1300,13	102,01	757,19	201880
(γ)-Terpinen	4,96	0,00	13,59	0,00	4,77	27
a40	7,34	3,20	14,15	5,31	7,76	10
(<i>Z</i>)-3-Hexenol	33,98	11,69	70,66	21,12	40,37	467
Dimethylstyrol	1224,15	382,88	2694,86	604,88	1785,14	641986
Terpinenol	15,27	4,64	22,21	7,95	20,46	53
a75	2,64	0,00	5,94	0,00	4,63	7
p-Menthenol	24,22	0,00	40,81	13,70	34,66	186
Sesquiphellandren	14,02	0,00	40,66	4,29	24,14	193

Volatile organische Verbindungen in Freilandversuchen auf Resistenz gegen *Septoria petroselinii*

Die deutlich höchsten Mittelwerte und Varianzen der Gehalte im Versuch VPc08/301 haben die Substanzen (β)-Myrcen, Dimethylstyrol und (*E*)-2-Hexenal.

In den Varianzen der Gehalte mit nicht unwesentlichem Abstand folgend sind Sesquiphellandren, Terpinenol, (*Z*)-3-Hexenol, (γ)-Terpinen und Hexanal. Davon kommt Sesquiphellandren bei mindestens 25 % der Prüfglieder nicht über der Detektionsschwelle vor.

In den Mittelwerten der Gehalte folgen Terpinenol, (*Z*)-3-Hexenol und (γ)-Terpinen den Substanzen (β)-Myrcen, Dimethylstyrol und (*E*)-2-Hexenal auf einem ähnlich hohen Niveau und setzen sich leicht von Hexanal nach oben hin ab. Der Stoff p-Menthenol zeigt einen marginal höheren mittleren Gehalt als Sesquiphellandren.

Die mit großer Differenz zu den genannten Substanzen geringsten Mittelwerte und Varianzen der Gehalte haben die VOCs a40 und a75. Davon kommt a40 nicht bei allen Prüfgliedern vor, und a75 wird bei mindestens dem Viertel der Akzessionen nicht über dem Nullgehalt detektiert (Tabellen 3.38 und 7.12).

Tab. 3.38: Lage- und Streuungsmaße der Gehalte volatiler organischer Verbindungen der Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc08/301

Substanzen	Mittelwert	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartil	Varianz
Hexanal	85,91	12,91	227,32	41,44	116,47	2716
(β)-Myrcen	2574,66	39,29	6794,71	1607,07	3006,47	2548117
(<i>E</i>)-2-Hexenal	1243,24	190,93	4728,30	526,23	1707,56	1044886
(γ)-Terpinen	157,15	10,28	280,81	115,70	182,11	2900

Tab. 3.38: fortgesetzt

Substanzen	Mittelwert	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartil	Varianz
a40 (VPc07/31)	25,75	0,00	52,21	21,15	32,45	132
(Z)3-Hexenol	104,73	35,64	248,82	60,41	136,93	3066
Dimethylstyrol	3466,50	1032,43	6005,90	2165,49	4790,38	2051865
Terpinenol	129,52	23,28	225,77	76,58	181,22	3586
a75 (VPc07/31)	16,22	0,00	57,30	0,00	29,77	297
p-Menthenol	76,60	16,28	163,32	46,03	93,01	1233
Sesquiphellandren	45,61	0,00	269,44	0,00	55,66	4826

Die mit Abstand höchsten Mittelwerte und Varianzen der Gehalte im Versuch VPc09/311 haben die Substanzen (β)-Myrcen, Dimethylstyrol und (*E*)-2-Hexenal, gefolgt von (γ)-Terpinen und Sesquiphellandren. Hexenal zeigt im Gehalt einen vergleichbaren Mittelwert wie Sesquiphellandren, jedoch mit niedrigerer Varianz, Terpinenol dagegen einen ähnlich niedrigen Mittelwert, allerdings mit großer Varianz.

Die beiden Substanzen a40 und a75 haben die niedrigsten Mittelwerte und Varianzen der Gehalte, gefolgt von (*Z*)-3-Hexenol und p-Menthenol.

Sesquiphellandren und a40 sind VOCs, die bei mindestens 25 % der Prüfglieder nicht über der detektierbaren Analyseschwelle vorkommen. Terpinenol, (*Z*)-3-Hexenol und Hexenal kommen nicht bei jedem Prüfglied mit einem Gehalt größer Null vor (Tabellen 3.39 und 7.13).

Tab. 3.39: Lage- und Streuungsmaße der Gehalte volatiler organischer Verbindungen der Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc09/311

Substanzen	Mittelwert	Minimum	Maximum	Unteres Quartil	Oberes Quartil	Varianz
Hexanal	316,02	0,00	671,43	107,13	483,43	47158
(β)-Myrcen	18605,75	10305,72	40219,95	11970,20	20791,33	75384185
(<i>E</i>)-2-Hexenal	3913,03	359,06	10865,10	1179,06	5973,80	9172799
(γ)-Terpinen	696,11	212,49	1581,25	307,66	1063,34	222085
a40 (VPc07/31)	18,13	0,00	46,28	0,00	35,45	336
(<i>Z</i>)-3-Hexenol	85,52	0,00	192,11	48,04	133,00	3069
Dimethylstyrol	7766,75	2109,69	15919,80	4524,69	11596,78	17714556
Terpinenol	165,34	0,00	1307,43	30,34	185,88	85190
a75 (VPc07/31)	50,52	36,24	115,30	41,53	53,35	310
p-Menthenol	138,46	43,07	266,11	79,70	201,23	4983
Sesquiphellandren	313,03	0,00	890,08	0,00	754,42	134711

Beziehungen volatiler organischer Verbindungen mit dem Befall durch *Septoria petroselini* in einer Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch

Vier der 11 VOCs zeigen signifikante ($p \leq 0,05$) Korrelationen zum *S. petroselini*-Befall. Die höchsten negativen Korrelationskoeffizienten erscheinen bei (*E*)2-Hexenal ($r_s = -0,75$) und (β)-Myrcen ($r_s = -0,73$), nicht signifikante negative r_s -Werte zum *S. petroselini*-Befall zeigen Dimethylstyrol ($r_s = -0,67$) und Hexanal ($r_s = -0,51$).

Die höchsten positiven signifikanten r_s -Werte weisen die Substanzen (*Z*)3-Hexenol ($r_s = 0,73$) und *p*-Menthenol ($r_s = 0,68$) auf, während Sesquiphellandren einen nicht signifikanten Korrelationskoeffizienten von $r_s = 0,59$ zeigt.

Weitere VOCs (Terpinenol und (γ)-Terpinen) besitzen relativ schwache Beziehungen zum *S. petroselini*-Befall, wobei die niedrigsten Korrelationskoeffizienten im Kontext zu den Substanzen a40 ($r_s = 0,03$) und a75 ($r_s = -0,08$) erscheinen (Tabelle 3.40).

Tab. 3.40: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum *S. petroselini*-Befall nach Boniturnoten in der Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch VPc07/31 ähnlich den Resistenzversuchen VPc08/301 und VPc09/311

Substanzen**	<i>S. petroselini</i> - Boniturnote - 20.09.2007 - r_s
(<i>E</i>)2-Hexenal	-0,75*
(β)-Myrcen	-0,73*
Dimethylstyrol	-0,67
Hexanal	-0,51
(γ)-Terpinen	-0,22
a75	-0,08
a40	0,03
Terpinenol	0,46
Sesquiphellandren	0,59
<i>p</i>-Menthenol	0,68*
(<i>Z</i>)3-Hexenol	0,73*

*signifikant für $p \leq 0,05$; **aufsteigend geordnet nach r_s , jeweils 4 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zum Merkmal korrelieren, sind fett gedruckt

Beziehungen volatiler organischer Verbindungen mit dem Befall durch *Septoria petroselini* in weiteren Freilandversuchen

Für den Feldresistenzversuch VPc08/301 liegen die Korrelationswerte des Endbefalls am 25.09.2008 und des mittleren Befalls (AUDPC) durch *S. petroselini* auf ähnlichem Niveau.

Die am höchsten negativ (signifikant für $p \leq 0,05$) korrelierenden Substanzen für den Endbefall am 25.09.2008 sind (*E*)2-Hexenal ($r_s = -0,60$), (β)-Myrcen ($r_s = -0,44$) und Hexanal ($r_s = -0,44$). Auch für den mittleren *S. petroselini*-Befall gibt es bei (*E*)2-Hexenal ($r_s = -0,63$), (β)-Myrcen ($r_s = -0,41$) und Hexanal ($r_s = -0,38$) die stärksten Beziehungen (signifikant für $p \leq 0,05$).

Die höchsten positiven r_s -Werte (signifikant für $p \leq 0,05$) zum Endbefall am 25.09.2008 zeigen die VOCs p-Menthenol ($r_s = 0,77$), Terpinenol ($r_s = 0,40$) und (γ)-Terpinen ($r_s = 0,35$). Zum mittleren *S. petroselinii*-Befall haben p-Menthenol ($r_s = 0,82$), Sesquiphellandren ($r_s = 0,39$) und Terpinenol ($r_s = 0,33$) die höchsten Korrelationswerte (signifikant für $p \leq 0,05$). Die übrigen Verbindungen (Dimethylstyrol, a75, a40 und (*Z*)-3-Hexenol) zeigen relativ schwache, für $p \leq 0,05$ nicht signifikante Korrelationen zu beiden *S. petroselinii*-Befallsmaßen (Tabelle 3.41).

Tab. 3.41: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum *S. petroselinii*-Befall nach Boniturnoten und mittlerer AUDPC im Feldresistenzversuch VPc08/301

Substanzen**	<i>S. petroselinii</i> - Boniturnote - Median der Wiederholungen 25.09.2008 - r_s	<i>S. petroselinii</i> - mittlerer Befall - aus AUDPC (72 Tage) [%] - r_s
(E)2-Hexenal	-0,60*	-0,63*
Hexanal	-0,44*	-0,38*
(β)-Myrcen	-0,44*	-0,41*
Dimethylstyrol	-0,21	-0,29
a75 (VPc07/31)	-0,05	-0,09
a40 (VPc07/31)	0,11	0,03
(<i>Z</i>)-3-Hexenol	0,20	0,26
Sesquiphellandren	0,28	0,39*
(γ)-Terpinen	0,35*	0,31*
Terpinenol	0,40*	0,33*
p-Menthenol	0,77*	0,82*

*signifikant für $p \leq 0,05$; **aufsteigend geordnet nach r_s der Boniturnoten, jeweils 4 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zum Merkmal korrelieren, sind fett gedruckt

Im Versuch VPc09/311 sind die Korrelationskoeffizienten der VOCs zum mittleren Befall von *S. petroselinii* mit Ausnahme der Substanzen a40 und a75 etwas höher als zum Endbefall am 30.09.2009.

Die stärksten negativen Beziehungen (für $p \leq 0,05$ signifikant) zum Endbefall am 30.09.2009 haben die Substanzen a40 ($r_s = -0,64$), Hexanal ($r_s = -0,64$) und (β)-Myrcen ($r_s = -0,54$). Die Verbindungen Hexanal ($r_s = -0,75$), (β)-Myrcen ($r_s = -0,66$) und a40 ($r_s = -0,61$) zeigen auch zum mittleren *S. petroselinii*-Befall die höchsten Korrelationswerte.

Die Stoffe (*E*)-2-Hexenal und Dimethylstyrol haben relativ schwache negative Beziehungen zum *S. petroselinii*-Befall, die für $p \leq 0,05$ nicht signifikant sind. Nur die Korrelation von (*E*)-2-Hexenal zum mittleren *S. petroselinii*-Befall zeigt mit $r_s = -0,51$ einen für $p \leq 0,05$ signifikanten Zusammenhang.

Die positiven r_s -Werte der Substanzen zu beiden *S. petroselinii*-Befallsmaßen sind alle signifikant. Dabei haben Terpinenol ($r_s = 0,66$), p-Menthenol ($r_s = 0,58$) und (γ)-Terpinen ($r_s = 0,55$) die höchsten Korrelationskoeffizienten zum *S. petroselinii*-Befall am 30.09.2009.

Die stärksten Beziehungen zum mittleren *S. petroselini*-Befall zeigen Terpinenol ($r_s = 0,74$), p-Menthenol ($r_s = 0,63$) und Sesquiphellandren ($r_s = 0,60$) (Tabelle 3.42).

Tab. 3.42: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum *S. petroselini*-Befall nach Boniturnoten und mittlerer AUDPC im Feldresistenzversuch VPc09/311

Substanzen**	<i>S. petroselini</i> - Boniturnote - Median d. Wiederholungen 30.09.2009 - r_s	<i>S. petroselini</i> - mittlerer Befall - aus AUDPC (109 Tage) [%] - r_s
a40 (VPc07/31)	-0,64*	-0,61*
Hexanal	-0,64*	-0,75*
(β)-Myrcen	-0,54*	-0,66*
(E)2-Hexenal	-0,38	-0,51*
Dimethylstyrol	-0,26	0,38
(Z)3-Hexenol	0,45*	0,53*
Sesquiphellandren	0,47*	0,60*
a75 (VPc07/31)	0,51*	0,44*
(γ)-Terpinen	0,55*	0,55*
p-Menthenol	0,58*	0,63*
Terpinenol	0,66*	0,74*

*signifikant für $p \leq 0,05$; **aufsteigend geordnet nach r_s der Boniturnoten, jeweils 4 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zum Merkmal korrelieren, sind fett gedruckt

3.6 Vererbung der *Septoria petroselini*-Resistenz

Kreuzungserfolg und molekularer Nachweis von F₁-Nachkommen

Insgesamt wurden 28501 Blüten von Petersiliendolden emaskuliert, die insgesamt 5441 Körner ausbildeten. Von 3665 ausgelegten Körnern keimten 1600 (43,65 %), davon wurden 90 molekular auf ihren Hybridstatus überprüft. Über alle Kreuzungskombinationen konnten 52 EP (57,78 %) als Kreuzungsnachkommen bestimmt werden. Die Erfolgsquote, einen Kreuzungsnachkommen aus einer gekeimten EP zu erhalten, schwankt zwischen 0 % bei der Kreuzungskombination anfällig x resistent bis 78,38 % bei resistent x resistent (Tabelle 3.43).

Tab. 3.43: Kreuzungskombination in Bezug auf den Befall durch *S. petroselini* mit Anzahl der molekular geprüften Einzelpflanzen und der bestimmten Kreuzungsnachkommen sowie Erfolgsquote

Kreuzungskombination in Bezug auf den Befall durch <i>S. petroselini</i>	molekular ge- prüfte EP	davon Kreuzungs- nachkommen-EP	Erfolgsquote [%]
resistent x resistent	37	29	78,38
resistent x anfällig	7	3	42,86
anfällig x resistent	13	0	0,00

Tab. 3.43: fortgesetzt

Kreuzungskombination in Bezug auf den Befall durch <i>S. petroselini</i>	molekular geprüfte EP	davon Kreuzungsnachkommen-EP	Erfolgsquote [%]
resistent x Leistungselter (anfällig)	9	6	66,67
Leistungselter (anfällig) x resistent	24	14	58,33
insgesamt	90	52	57,78

Die Einzelpflanzen F_1 (1), F_1 (2) und F_1 (3) der Kreuzungskombination resistent x anfällig (I_2 -Linie P01/504/1 x I_2 -Linie P01/701/1) konnten aufgrund von Markerbanden, welche neben den EP F_1 (1), F_1 (2) und F_1 (3) ebenfalls ausschließlich die jeweilige Bestäuberpflanzen zeigen, als Kreuzungsnachkommen bestimmt werden. Bei der Pflanze F_1 (1) hat die dargestellte doppelte Markerbande des Vaters eine Fragmentgröße von 522 bzw. 526 Basenpaaren (bp) und bei den Schwesterpflanzen F_1 (2) und F_1 (3), abstammend aus einer anderen Einzelpflanzenkombination, zeigt die Markerbande des Bestäubers eine Fragmentgröße von 589 bp (Abbildung 3.9 und 3.10).

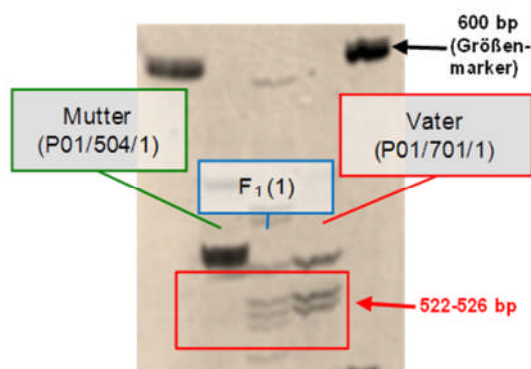


Abb 3.9: Markerbande der Bestäuberpflanze (Vater – P 01/701/1) als Nachweis beim Kreuzungsnachkommen F_1 (1) mittels RAPD-Primer OPA03 (Tab. 2.8)

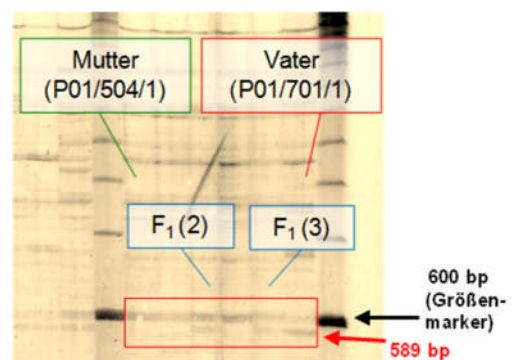


Abb. 3.10: Markerbande der Bestäuberpflanze (Vater – P 01/701/1) als Nachweis bei den Kreuzungsnachkommen F_1 (2) und F_1 (3) mittels dpRAPD-Primer OPA01+OPA02 (Tab. 2.8)

Bewertung von F_1 -Nachkommen *Septoria petroselini*-resistenter Linien im Klimakammertest auf Resistenz gegen *S. petroselini*

Die resistenten und anfälligen I_2 -Elternlinien sowie Standards im Test der F_1 -Nachkommen auf Resistenz gegen *S. petroselini* 08/1 in der Klimakammer zählen 44 bis 47 Einzelpflanzen. Die Anzahl der F_1 -Nachkommen (F_1 (1,2+3)) welche auf resistente x anfällige Elternkombinationen von I_2 -Linien bezüglich *S. petroselini* zurückgehen, beträgt drei.

Der resistente Standard hat ein geringfügig höheres Befallsniveau (MW: 2,57 %) als die resistente Elternlinie (MW: 1,77 %), deren Varianz mit 0,08 die geringste im Test ist. Der resistente Standard zeigt eine Varianz von 4,60.

Die F₁-Nachkommen weisen ein ähnlich hohes *S. petroselini*-Befallsniveau (MW: 1,77 %) wie die resistente Elternlinie vor, ihre Varianz beträgt 2,37.

Den zweithöchsten Mittelwert (19,63 %) und auch den zweiten Rang hinsichtlich der Varianz (15,96) des *S. petroselini*-Befalls weist die anfällige Elternlinie auf. Der anfällige Standard hat den höchsten Mittelwert (21,85 %) und die höchste Varianz (58,70) nach Pathogenbefall im Test.

Es gibt zwei statistische Gruppen (a + b), die sich bezüglich des *S. petroselini*-Befalls nach dem Mann-Whitney U-Test, signifikant für $p \leq 0,05$, voneinander unterscheiden. Zur Gruppe a gehören der resistente Standard, die resistente Elternlinie und die F₁-Nachkommen. Zur Gruppe b gehören die anfällige Elternlinie und der anfällige Standard (Tabelle 3.44).

Tab. 3.44: Lage- und Streuungsmaße des *S. petroselini*-Befalls der Prüfglieder im F₁-Nachkommen (resistent x anfällig)-Klimakammerresistenztests *S. petroselini* 08/1 mit EP-Anzahlen sowie statistischen Gruppierungen

Prüfglieder	Ursprung	Anzahl - EP	Mittelwert*	Minimum*	Maximum*	unteres Quartil*	oberes Quartil*	Varianz*	statistische Gruppe**
resistenter Standard	P0/656/0	46	2,57	0,00	9,50	1,25	3,00	4,60	a
resistente I ₂ -Elternlinien (der Mutter)	P01/504/1	47	1,77	1,29	2,29	1,56	2,00	0,08	a
F ₁ -Nachkommen (F ₁ /1,2+3 - resistent x anfällig)	P01/504/1 x P01/701/1	3	1,77	0,00	2,75	0,00	2,75	2,37	a
anfällige I ₂ -Elternlinien (des Bestäubers)	P01/701/1	47	19,63	13,20	25,25	15,80	23,20	15,96	b
anfälliger Standard	P0/510/0	44	21,85	6,83	36,33	16,50	26,59	58,70	b

*des Befalls (20 dpi) aller Einzelpflanzen des Prüfgliedes auf der Basis prozentual befallener Blattfläche pro EP;

**nach Mann-Whitney U-Test, signifikant für $p \leq 0,05$

Bewertung von F₂-Nachkommenschaften *Septoria petroselini*-resistenter Linien im Klimakammertest auf Resistenz gegen *Septoria petroselini*

Der resistente und der anfällige Standard sowie die I₂-Elternlinien im Klimakammertest auf Resistenz gegen *S. petroselini* 10/4 der F₂-Familien bestehen aus 23 bis 27 Einzelpflanzen je Prüfglied. Die F₂-Familien (1,2 und 3) weisen jeweils 56, 45 und 97 EP vor.

Im Test zeigt der resistente Standard den niedrigsten Befall mit einem MW von 0,62 %, dicht gefolgt von der F₂-Familie (2) mit einem MW von 2,31 % befallener Blattfläche. Die geringsten Varianzen im Test hat ebenfalls der resistente Standard mit 0,45, gefolgt von der F₂-Familie (2) mit 2,4. Die resistente Mutterlinie zeigt einen durchschnittlichen Blattbefall von 5,92 %.

Der anfällige Standard und die anfällige Bestäuberlinie haben mit 29,10 % und 34,10 % die höchsten Mittelwerte und auch die größten Varianzen (53,55 und 70,51) bezüglich des Blattbefalls.

Die anfällige und die resistente Elternlinie unterscheiden sich nach dem Mann-Whitney U-Test signifikant für $p \leq 0,05$. Ebenso differieren der anfällige und der resistente Standard signifikant für $p \leq 0,05$ nach dem Mann-Whitney U-Test (Tabelle 3.45).

Der Vergleich der Befallsverteilungen der F₂-Familien (1,2 und 3) mittels χ^2 -Test ergibt signifikante Unterschiede für $p \leq 0,05$.

Tab. 3.45: Lage- und Streuungsmaße des *S. petroselini*-Befalls der Prüfglieder im F₂-Nachkommenschaft-Klimakammerresistenztest *S. petroselini* 10/4 mit EP-Anzahlen sowie statistischen Gruppierungen

Prüfglieder	Ursprung	Anzahl - EP	Mittelwert*	Minimum*	Maximum*	unteres Quartil*	oberes Quartil*	Varianz*
resistenter Standard	P0/656/0	27	0,62	0,00	2,50	0,00	1,00	0,45
resistente I ₂ -Elternlinien (der Mutter)	P1/504/1	24	5,92	3,00	11,71	4,04	6,91	4,72
F ₂ (1) aus (resistent x anfällig)	P01/504/1 x P01/701/1	56	5,84	1,50	27,11	3,17	7,03	16,62
F ₂ (2) aus (resistent x anfällig)	P01/504/1 x P01/701/1	45	2,31	0,00	7,00	1,17	3,20	2,4
F ₂ (3) aus (resistent x anfällig)	P01/504/1 x P01/701/1	97	5,96	0,20	32,50	2,40	7,50	27,28
anfällige I ₂ -Elternlinien (des Bestäubers)	P01/701/1	23	34,10	17,22	48,57	27,25	40,14	70,51
anfälliger Standard	P0/619/0	24	29,10	12,57	41,00	24,96	34,63	53,55

*des Befalls (21 dpi) aller Einzelpflanzen des Prüfgliedes auf der Basis prozentual befallener Blattfläche pro EP

Im Klimakammerresistenztest der F₂-Familien bezüglich *S. petroselini* zeigt der resistente Standard den Modalwert bei > 0 bis 2 % befallener Blattfläche. Die resistente Mutter weist eine Verteilung der Befallswerte auf, welche einer Glockenkurve ähnelt und den Modalwert bei > 4 bis 6 % befallener Blattfläche hat.

Die F_2 -Familie (1) hat mit einer relativen Häufigkeit der Einzelpflanzen 35,71 % den Modalwert bei > 2 bis 4 % befallener Blattfläche, zeigt jedoch bei > 6 bis 8 % Befall eine relative Häufigkeit der EP von 21,43 %. Bei Befallswerten von > 8 % sinkt die relative Häufigkeit der EP ausgehend von 8,93 % tendenziell kontinuierlich ab.

Die F_2 -Familie (2) zeigt den Modalwert bei > 0 bis 2 % befallener Blattfläche mit einer relativen Häufigkeit der EP bei 57,78 %. Bei Befall von > 2 % bis zu 6 % wird kumulativ eine relative Häufigkeit der EP von 37,78 % erreicht. Höhere Befallswerte als 6 % weisen 2,22 % der EP auf.

Die F_2 -Familie (3) erreicht den Modalwert bei > 2 bis 4 % Blattbefall mit 27,84 % der EP. Mehr als 4 % bis zu 6 % Blattbefall weisen 26,8 % der EP auf. Bei Befallswerten von mehr als 6 % sinkt der relative Anteil der EP ausgehend von 8,25 % tendenziell kontinuierlich ab.

Die anfällige Bestäuberlinie zeigt den Modalwert bei > 38 bis 40 % Befall mit einer relativen Häufigkeit der EP von 17,39 %. Im Bereich von > 16 bis 50 % befallener Blattfläche gibt es relative Häufigkeiten der EP der Bestäuberlinie, die zwischen 4,35 und 13,04 % schwanken. Befallswerte von 13,04 % werden von den EP der Bestäuberlinie in den Kategorien > 26 bis 28 % und > 34 bis 36 % erreicht.

Der anfällige Standard zeigt den Modalwert bei > 26 bis 28 % befallener Blattfläche mit einer relativen Häufigkeit der EP von 20,83 %. Auch in der Kategorie > 30 bis 32 % Blattbefall erreichen 16,67 % der EP des anfälligen Standards entsprechende Befallswerte. Außerhalb des Befallsbereiches von > 26 bis 32 % sinkt der relative Anteil der EP des anfälligen Standards nach oben und nach unten tendenziell kontinuierlich ab (Abbildung 3.11, Tabelle 7.11).

Für alle analysierten Verteilungen der Prüfglieder innerhalb des Klimakammerresistenztests der F_2 -Familien ergibt der Shapiro-Wilk-Test (Shapiro-Wilk W-Statistik) für $p \leq 0,05$ signifikante Unterschiede zur Normalverteilung.

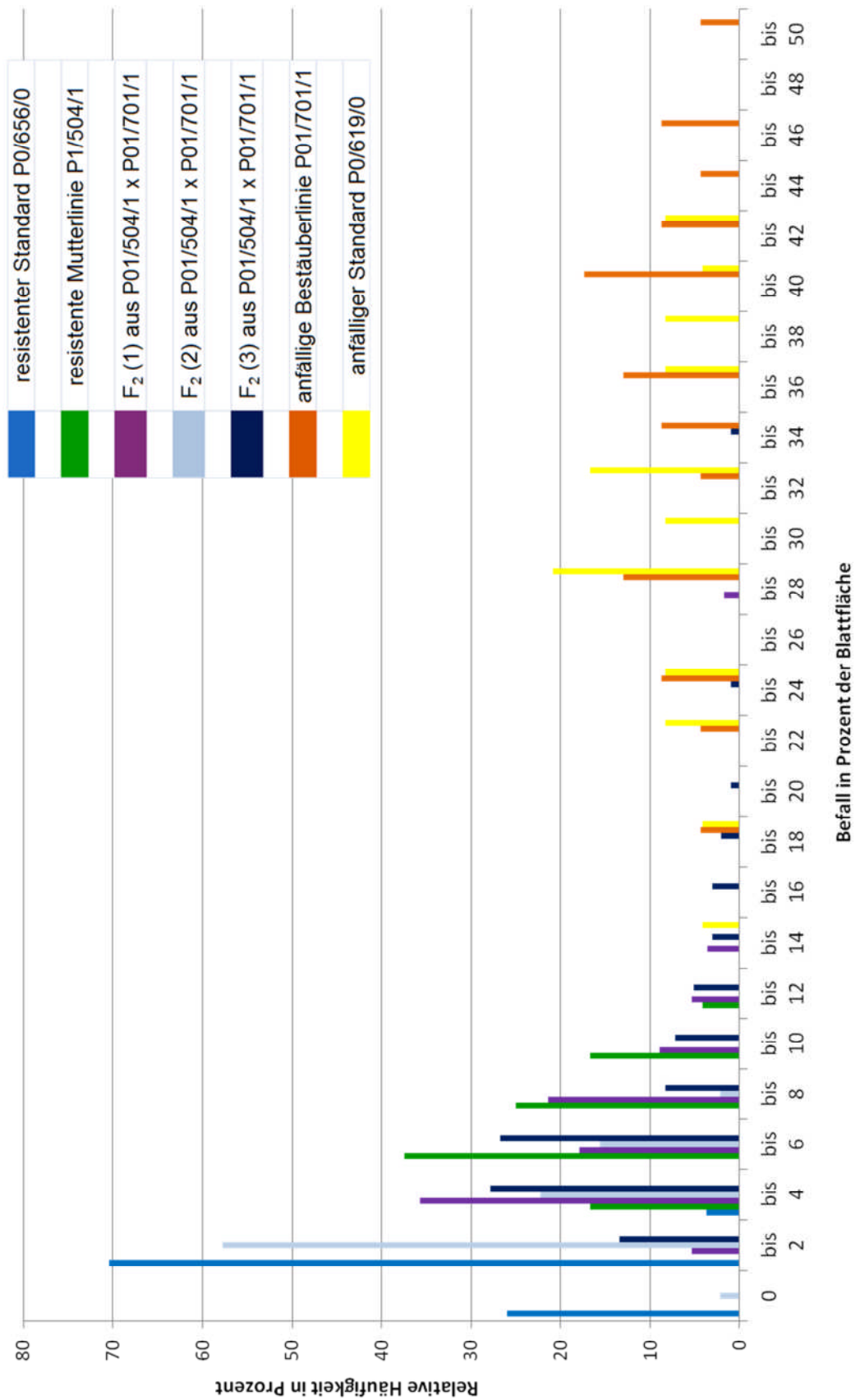


Abb. 3.11: Relative Einzelpflanzen-Häufigkeiten der F₂-Familien, Eltern und Standards nach *S. petroselini*-Befall (21 dpi, in Prozent der Blattfläche) im Klimakammertest auf Resistenz gegen *S. petroselini* 10/4

Der χ^2 -Test auf Homogenität ergibt beim Vergleich der F_2 -Familien (1, 2 + 3) mit $p \geq 0,95$ signifikante Unterschiede zwischen den Verteilungen.

Bei der Annahme der Grenzwerte (F_2 -Familie (1): bis 8 %; F_2 -Familie (2): bis 6 %; F_2 -Familie (3): bis 6 % befallener Blattfläche als resistente EP) des *S. petroselini*-Befalls für die Einteilung in anfällige und resistente Klassen je F_2 -Nachkommenschaft ergeben sich Verhältnisse der Einzelpflanzen, die bei F_2 -Familie (1) ($\chi^2 = 0,86$) und F_2 -Familie (3) ($\chi^2 = 1,24$) jeweils statistisch abgesichert nicht von einer 3:1 Aufspaltung eines monogenen, dominant/rezessiven Erbgangs abweichen. Ein Verhältnis von 75 % zu 25 % erwartend, zeigt die Klassenbildung in resistente und anfällige EP bei F_2 -Familie (1) 80 % zu 20 % sowie bei F_2 -Familie (3) 70 % zu 30 %.

Die Verteilung der F_2 -Familie (2) im Befall durch *S. petroselini* unterscheidet sich statistisch signifikant ($\chi^2 = 12,45$) mit 98 % zu 2 % von der 75 % zu 25 %-Verteilung der EP eines 3:1 Spaltungsverhältnisses (Tabelle 3.46).

Tab. 3.46: Anpassung mittels χ^2 -Test von beobachteten versus erwarteten Häufigkeiten der F_2 -Familien (1, 2 und 3) aus dem Test auf Resistenz gegen *S. petroselini* in der Klimakammer 10/4 an postulierte Spaltungsverhältnisse von 3:1 für einen monogenen, dominant/rezessiven Erbgang bei angenommenen Grenzwerten des Blattbefalls für die Einteilung in anfällige und resistente Klassen

Familie	Grenzwert für die Einteilung in anfällige und resistente Befallsklassen [%]*	erwartete Häufigkeit für 3:1-Verteilung**	beobachtete Häufigkeit**	χ^2 -Test auf eine 3:1-Verteilung
F_2 (1) aus P01/504/1 x P01/701/1	bis 8	42 (75 %)	45 (80 %)	$\chi^2 = 0,86$
	>8	14 (25 %)	11 (20 %)	
F_2 (2) aus P01/504/1 x P01/701/1	bis 6	33,75 (75 %)	44 (98 %)	$\chi^2 = 12,45$
	>6	11,25 (25 %)	1 (2 %)	
F_2 (3) aus P01/504/1 x P01/701/1	bis 6	72,75 (75 %)	68 (70 %)	$\chi^2 = 1,24$
	>6	24,25 (25 %)	29 (30 %)	

*nach prozentual befallener Blattfläche je Einzelpflanze (21 dpi);
 **absolute Häufigkeiten sind um die relativen Häufigkeiten als Klammerangaben ergänzt
 ***kritischer χ^2 -Wert ($p = 0,95$; $FG = 1$) = 3,841

4 Diskussion

4.1 Morphologische Merkmale, Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* und *Plasmopara petroselini*, volatile organische Verbindungen sowie genetische Variabilität innerhalb eines Weltsortimentes von *Petroselinum crispum*

Um mögliche Wechselwirkungen zwischen zwei Umwelten auszuschließen, wurden für die Auswertungen neben den molekularen Daten und Inhaltsstoffgehalten der VOCs des Standortes Quedlinburg auch Boniturnoten des Befalls durch *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie der Morphologie des Quedlinburger Standortes zu genutzt. Jedoch bestand beim Merkmal Blattkräuselung die Notwendigkeit, Boniturnote vom Standort Gatersleben zu verrechnen, da die Quedlinburger Boniturnote nicht in vollem Umfang erhoben werden konnten. Dieses Vorgehen war jedoch durch die hohe Heritabilität des Merkmales Blattkräuselung zu rechtfertigen.

Morphologische Merkmale und Beziehungen morphologischer Eigenschaften

Die Häufigkeiten bezüglich der Boniturnoten der Merkmale Blattkräuselung, Wurzelverdickung und Wurzelverholzung in Tabelle 3.1 zeigen eine Variabilität, die weitere statistische Auswertungen zulässt. Jedoch liegt der größte Teil der Akzessionen auf den Boniturnoten, welche die typischen Merkmale für glatte Blatt Petersilie widerspiegeln. Kleinere Teile der Akzessionen haben Merkmalsausprägungen, welche einerseits typisch für krause Blatt Petersilie oder andererseits für Wurzel Petersilie sind. Ausgedrückt werden diese schiefen Häufigkeitsverteilungen der Akzessionen über die Boniturnoten der Wurzelmerkmale Verholzung und Verdickung sowie bei dem Blattmerkmal kraus / glatt durch die relativ niedrigen Varianzen.

Die Heritabilitäten der betrachteten morphologischen Merkmale lassen nach Mielenz und Schüler (1999) auf eine sehr hohe genetische Determination dieser Eigenschaften schließen (Tabelle 3.1).

Da es sich bei den Daten der betrachteten morphologischen Merkmale um ordinale Daten handelte, wird die Quantifizierung der Beziehungen zwischen diesen Eigenschaften mittels Rangkorrelationskoeffizienten nach Spearman (r_s) als angebracht bewertet. Es kann auf eine relativ eng gekoppelte Vererbung von Wurzelverholzung und -verdickung geschlossen werden. Moderate bis gute Korrelationen verschiedener Wurzelmerkmale werden durch die Angaben von Lange (2007) gestützt, wobei das Merkmal Blattkräuselung relativ unabhängig von den Merkmalen Wurzelverdickung und Wurzelverholzung vererbt zu werden scheint.

Die 169 Akzessionen der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* wurden zusammengefasst, da die Länge der Blattstiele als wesentliches Unterscheidungsmerkmal (Tabelle 2.6) zu keiner Auftrennung der Varietäten führte (Declercq 2009).

Da die gesamte verfügbare Variabilität von Petersilie analysiert wurde, kann anhand der Tabellen 3.1 und 3.2 geschlussfolgert werden, dass die größte Häufigkeit innerhalb der Art auf den var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* liegt.

Nach Lohwasser *et al.* (2010a+b) und Declercq (2009) können die zusammengefassten Varietäten var. *vulgare* / var. *neapolitanicum*, die var. *crispum*, die var. *tuberosum* Danert (1959) gegenüber bestätigt werden. Bei weiteren taxonomischen Ebenen gibt es allerdings Forschungsbedarf (Tabelle 2.6).

Natürlicher Befall mit *Septoria petroselini* und *Plasmopara petroselini*

Die weiterführenden Auswertungen ausschließlich der Quedlinburger Befallsdaten von *S. petroselini* und *P. petroselini* waren aufgrund des relativ starken und gleichmäßigen Befalls am Standort gerechtfertigt, um eventuelle Verfälschungen in der Befallshöhe der Genotypen und darüber hinaus mögliche Wechselwirkungen zwischen den Standorten zu vermeiden.

Die über alle Prüfglieder vergebenen Noten der Boniturskalen lassen eine hohe Variabilität im Befall durch *S. petroselini* erkennen.

Ein großer Teil der Variabilität der Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* ist innerhalb der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* zu suchen. Dass die Befallshäufigkeiten von *S. petroselini* zwar einer Glockenkurve ähneln, jedoch einen Unterschied zur Normalverteilung aufweisen, ist als deutlich einzuschätzen (Tabellen 3.4 und 3.5). Der Grund liegt in der hohen Teststärke des verwendeten Shapiro-Wilk-Tests gegenüber anderen Tests auf Normalverteilung, wie z.B. dem Kolmogorow-Smirnow-Lilliefors-Test oder dem χ^2 -Test (Shapiro und Wilk 1965).

Die eingipflige Befallsverteilung von *S. petroselini* in Tabelle 3.4 und Abbildung 4.1 (Marthe *et al.* 2012), welche auf der dafür bisher größten genutzten Anzahl von Genotypen beruht, deutet auf eine quantitative Ausprägung der Resistenz hin. Ebenfalls wird bei Marthe und Scholze (1996) beschrieben, dass es gegen *S. petroselini* zwar sehr schwach befallene Genotypen, jedoch keine Symptomfreiheit gab. Weiterhin wurde festgestellt, dass bei vergleichenden Isolatetests von *S. petroselini* keine rassenspezifischen Reaktionen zwischen verschiedenen Genotypen zu verzeichnen waren (Struckmeyer und Marthe 2008). Die fehlende Symptomfreiheit und nicht vorhandene Rassenspezifität von untersuchten Genotypen untermauern die Hinweise auf die quantitative Ausprägung der *S. petroselini*-Resistenz. Darüber hinaus wird auch bei Marthe und Scholze (1997) auf eine quantitative Ausprägung von *S. petroselini* hingewiesen. In Anlehnung dazu wurden innerhalb der Resistenzen gegenüber *Septoria tritici* beim Weizen sowohl quantitative (Jlibene *et al.* 1994, Simón und Cordo 1998) als auch qualitative (Brading *et al.* 2002) Ausprägungen im gesamten Genpool von Weizen nachgewiesen.

Ergebnisse zur Vererbung der *S. petroselini*-Resistenz werden unter Punkt 4.6 diskutiert.

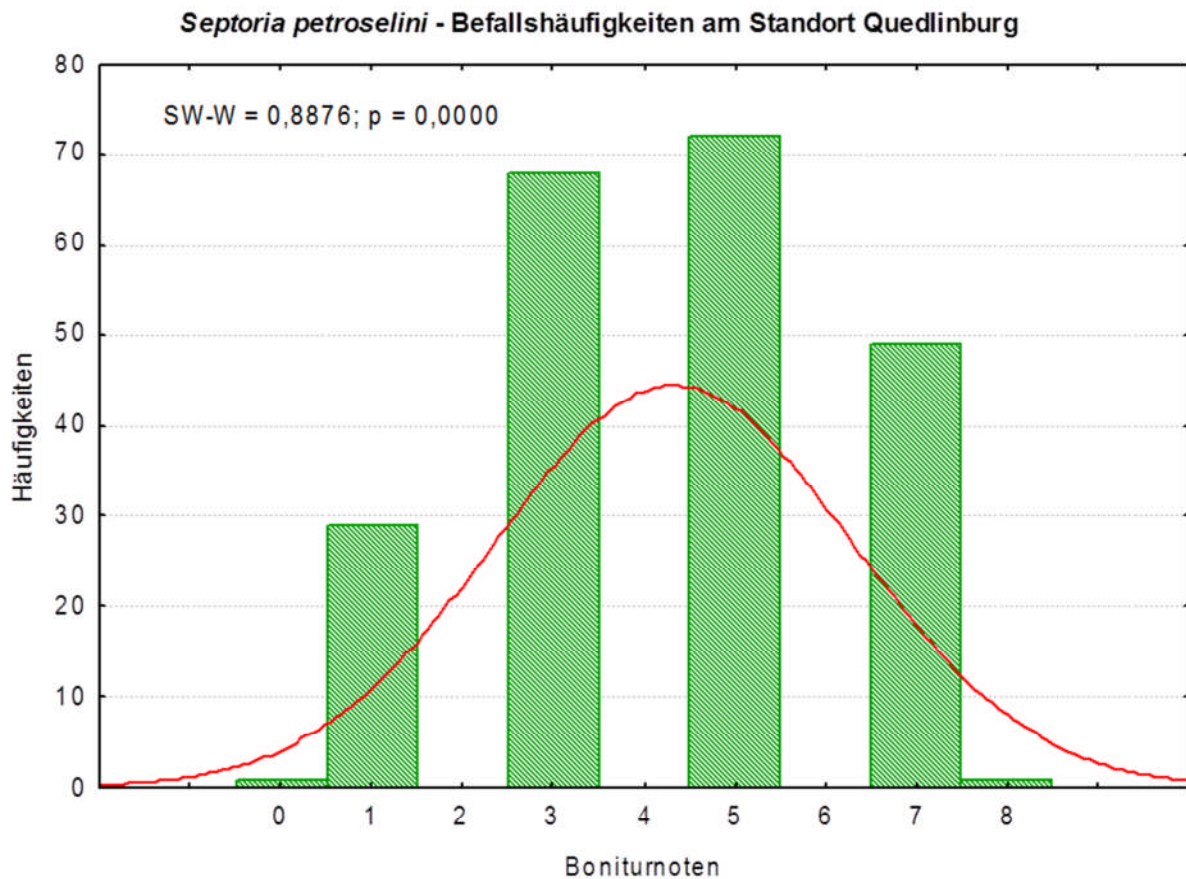


Abb. 4.1: Häufigkeitsverteilung des *Septoria petroselini*-Befalls über die Boniturnoten am Standort Quedlinburg

Durch den sehr guten natürlichen Befallsdruck von *P. petroselini* und den Umfang des Prüfsortimentes können die gezeigten Ergebnisse zur bisher umfangreichsten und einer sehr wertvollen Darstellung über den falschen Mehltau bei Petersilie eingeschätzt werden.

Innerhalb der Befallsverteilung durch *P. petroselini* gibt es ebenso wie bei *S. petroselini* eine hohe Variabilität im Befall durch das Pathogen, und darüber hinaus kann aus der Verteilung geschlossen werden, dass auch für *P. petroselini*, ein großer Teil der Variabilität der Wirt-Parasit-Interaktionen innerhalb der *var. vulgare* / *var. neapolitanicum* zu suchen ist (Tabelle 3.5).

Die Häufigkeitsverteilung des *P. petroselini*-Befalls in Tabelle 3.4 und Abbildung 4.2 (Marthe *et al.* 2012) weist auf eine Zweigipfligkeit hin, zur Resistenz gegenüber *P. petroselini* gibt es keine weiteren Hinweise in der Literatur bezüglich der Ausprägung; jedoch deutet eine zweigipflige Verteilung eine qualitative Ausprägung der Resistenz gegenüber *P. petroselini* an. Auch bei Krauthausen und Leinhos (2007) wird von einerseits stark befallenen und andererseits von der symptomfreien Sorte „Felicia“ berichtet, was die These einer zweigipfligen Verteilung stützt. Eine qualitative Ausprägung der Resistenz gegenüber *P. petroselini* würde auf eine mono- oder oligogene Vererbung der Resistenz verweisen (Hallmann *et al.* 2007).

Ergänzend hierzu wurde bei Bellin *et al.* (2009) ein dominantes Majorgen, welches mit einer qualitativen Resistenzausprägung gegen *Plasmopara viticola* in Beziehung steht, bei der Weinsorte „Bianca“ nachgewiesen.

Aussagen zum rassenspezifischen Verhalten von *P. petroselini* gibt es in der Literatur jedoch nicht. In Anlehnung hierzu sind bei der teilweise qualitativ wirkenden Resistenz von *Helianthus annuus* gegen den falschen Mehltau rassespezifische Wirkungen des Erregers *Plasmopara halstedii* bekannt (Sakr 2010).

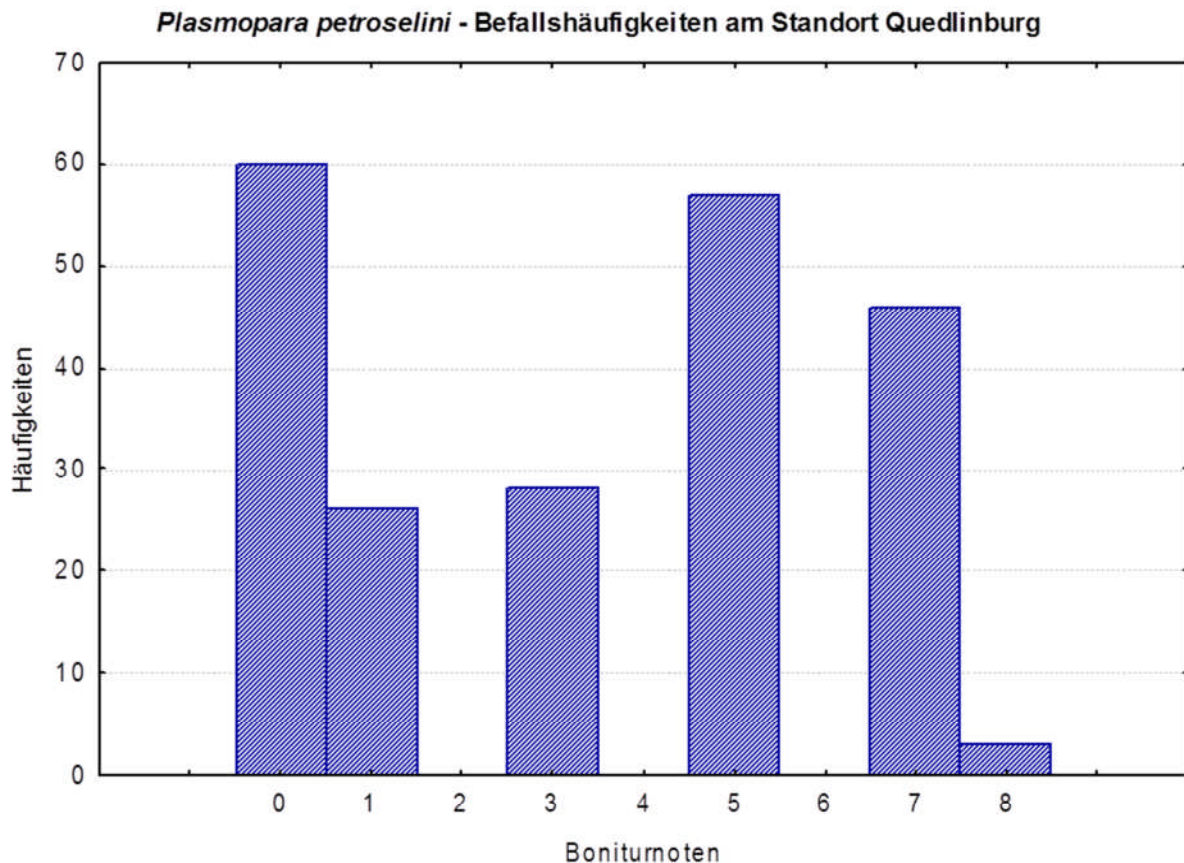


Abb. 4.2: Häufigkeitsverteilung des *Plasmopara petroselini*-Befalls über die Boniturnoten am Standort Quedlinburg

Beziehungen zwischen Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* und *Plasmopara petroselini*

Trotz der verschiedenen Ausprägungen in den Verteilungen der Befallshäufigkeiten von *S. petroselini* bzw. *P. petroselini* zeigt die nicht unwesentliche Beziehung von $r_s = 0,40$ bzw. $C_{\text{korrig.}} = 0,52$ ($p \leq 0,05$) zwischen diesen beiden Pathogenen, dass sich die jeweils resistenten bzw. anfälligen Prüfglieder bezüglich der Wirt-Parasit-Interaktionen nicht überwiegend konträr verhalten. Die rote Diagonale in Tabelle 3.6 soll die Felder verdeutlichen, welche bei vollkommener Korrelation von $r_s = 1$ als einzige Werte größer Null aufweisen dürften. Dass von den 30 gegenüber *S. petroselini* bzw. 60 gegenüber *P. petroselini* resistenten Prüfgliedern lediglich 16 resistent gegen beide Schaderreger sind, zeigt, dass die Befallsreaktionen

nur teilweise gleichgerichtet zu sein scheinen. Die gesetzte Grenze für Resistenz basiert bei *S. petroselini* (Note 0 + 1) und bei *P. petroselini* (Note 0) auf der These, dass *S. petroselini* eine quantitative und *P. petroselini* eine qualitative Ausprägung der Resistenz zeigt (Tabelle 3.6). Übereinstimmende Resistenzausprägungen gegenüber unterschiedlichen Pathogenen vieler Wirtsindividuen könnten für gemeinsame Abwehrmechanismen wie z.B. präinfektielle biochemische Barrieren oder Phytoalexine sprechen (Hallmann *et al.* 2007).

Beziehungen zwischen Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini* und bedeutenden morphologischen Eigenschaften

Die Beziehungen der Merkmale Wurzelverholzung und Wurzelverdickung zum schwächeren Befall gegenüber *S. petroselini* und *P. petroselini* sind als Tendenz zu werten, die in der Literatur durch vergleichbare Versuche weder bestätigt noch widerlegt wird (Tabelle 3.7). Diesbezüglich stellt sich somit die Frage, ob es einen Abwehrmechanismus gibt, der die Akzessionen der var. *tuberosum* etwas weniger anfällig gegenüber *S. petroselini* und *P. petroselini* macht als die Genotypen der restlichen infraspezifischen Taxa.

Die sehr schwache Beziehung zwischen dem Blattmerkmal kraus / glatt und der Anfälligkeit gegenüber *S. petroselini* wird von Untersuchungen mit Umfängen von 15 bzw. 19 Akzessionen gestützt, die zeigen, dass glattblättrige Blatt- und Wurzelpetersilie signifikant weniger *S. petroselini*-anfällig ist als krausblättrige Blattpetersilie (Cerkauskas 1991, Cerkauskas und Chiba 1993). Hingegen scheint das Blattmerkmal kraus / glatt in keinem relevanten Zusammenhang zur Anfälligkeit gegenüber *P. petroselini* zu stehen.

Da die verwendeten infraspezifischen Taxa var. *vulgare* / var. *neapolitanicum*, var. *tuberosum* und var. *crispum* nach Lohwasser *et al.* (2010a+b) gut durch die entsprechenden morphologischen Merkmale aufgetrennt werden können, kann für die Beziehungen der Akzessionen nach taxonomischer Zuordnung zum Befall durch *S. petroselini* und *P. petroselini* eine tendenziell analoge Interpretation wie für die Korrelationen von morphologischen Eigenschaften zum Befall durch *S. petroselini* und *P. petroselini* aufgestellt werden.

Die Ergebnisse lassen schlussfolgern, dass es in den Akzessionen aller infraspezifischen Taxa eine Variabilität bezüglich *S. petroselini* bzw. *P. petroselini* gibt. Ob die nur geringfügig stärkeren Beziehungen aller drei morphologischen Merkmale zum Befall durch *S. petroselini* verifizierbar sind, bedarf einer Überprüfung (Tabelle 3.7).

Die im Kontext zu Tabelle 3.6 erwähnten 16 resistenten Akzessionen gegen sowohl *S. petroselini* als auch *P. petroselini* setzen sich aus 10 Akzessionen der var. *vulgare* / var. *neapo-*

litanicum und 6 Genotypen der var. *tuberosum* zusammen, wobei PET 16 als einzige absolut symptomfreie Akzession zur var. *tuberosum* zählt (Tabelle 7.9). Die 16 Prüfglieder mit Resistenz gegen beide Pathogene untermauern somit die zuvor aufgezeigten Tendenzen höherer Resistenz in den Akzessionen der var. *tuberosum* bezüglich *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie höherer Anfälligkeit gegenüber *S. petroselini* der var. *crispum*.

Auswertung volatiler organischer Verbindungen

Innerhalb der 219 Akzessionen gibt es eine nicht unerhebliche Variabilität in den Gehalten der VOCs (Tabelle 3.8).

Mit der Auswahl der 42 VOCs für die Datenauswertung, welche in mindestens 75 % der Akzessionen mit einem Gehalt größer als Null vorkommen, wurde sichergestellt, dass alle verrechneten Substanzen petersiliientypisch sind. Weiterhin kommen die übrigen 90 VOCs, welche nicht einbezogen worden sind, vermehrt in sehr geringen Gehalten weniger Akzessionen vor.

Mit der weiteren Beschränkung auf jene VOCs für die Datenanalyse, welche die drei höchsten positiven und negativen Korrelationen zu den Merkmalen Blattkräuselung, Wurzelverdickung, Wurzelverholzung und des *S. petroselini* und *P. petroselini*-Befalls zeigen, wurde die Absicht der Herausstellung der deutlichsten Zusammenhänge verfolgt.

Beziehungen morphologischer Merkmale und Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini* zu volatilen organischen Verbindungen

Die in den Tabellen 3.10 und 3.11 dargestellten VOCs, die Beziehungen zu typischen Wurzelpetersilieneigenschaften zu haben scheinen, wie z.B. Hexenal, (*E*)2-Hexenal, (β)-Myrcen und Dimethylstyrol, zeigen sich ebenso in den Beziehungen zu den geringeren Anfälligkeiten für *S. petroselini* und *P. petroselini* in den Tabellen 3.12 und 3.13. Bei Sekine *et al.* (2007) wurde nachgewiesen, dass β -Myrcen eine nicht unerhebliche antifungale Wirkung aufweist. Weiterhin berichten Myung *et al.* (2006); Arroyo *et al.* (2007), Kishimoto *et al.* (2008), dass Hexenal und (*E*)2-Hexenal fungizide Wirkungen haben. Für die Substanz Dimethylstyrol konnte von Marthe und Krüger (2007) eine statistisch gesicherte antifungale Wirkung gegenüber *S. petroselini*-Befall belegt werden.

Analog dazu ordnen sich VOCs wie Terpinenol und Sesquiphellandren in die stärksten Rangkorrelationen zur höheren Anfälligkeit gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* ein, welche typisch für Akzessionen der Blattpetersilie sind (Tabellen 3.10 bis 3.13). Diese Zusammenhänge sind aufgrund der schwachen bis moderaten Korrelationskoeffizienten lediglich als Tendenzen zu werten. Folglich treten die beschriebenen Beziehungen nicht in jeder ein-

zelenen Kombination von Genotyp-VOC-Pathogenanfälligkeit auf. Unter allen infraspezifischen Taxa sind also Akzessionen mit sowohl niedrigem als auch hohem Gehalt entsprechender VOCs über alle Befallsstufen bezüglich *S. petroselini* und *P. petroselini* zu finden. Zu berücksichtigen ist, dass laut Peñuelas und Llusà (2001) sowie Olbricht *et al.* (2008) VOCs einer Umweltabhängigkeit wie bspw. dem Befall durch *S. petroselini* oder *P. petroselini* und einer Bestimmung durch den Genotyp unterliegen und somit manche Akzessionen trotz Befall durch *S. petroselini* oder *P. petroselini* einerseits zwar nur genetisch limitierte Gehalte an VOCs wie z.B. Hexanal oder (*E*)2-Hexenal synthetisieren können, andererseits jedoch könnten diese Akzessionen auch weitere Resistenzmechanismen aufzeigen. Folglich würden derartige Genotypen niedrige Gehalte an VOCs wie bspw. Hexanal oder (*E*)2-Hexenal verbunden mit schwacher Symptomatik gegen *S. petroselini* oder *P. petroselini* vorweisen und somit die schwachen bis moderaten Korrelationskoeffizienten zwischen VOCs wie Hexanal oder (*E*)2-Hexenal und Wirt-Parasit-Interaktionen erklären. Die antifungale Wirkung von bspw. (β)-Myrcen, Hexanal, (*E*)2-Hexenal oder Dimethylstyrol wäre auf diese Weise als eine mögliche Komponente der gesamten Resistenzreaktion von Petersilie gegen *S. petroselini* oder *P. petroselini* zu sehen.

Die Korrelationen von Hexanal, (*E*)2-Hexenal, (β)-Myrcen und Dimethylstyrol mit erhöhter Resistenz gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* in Verbindung mit der Schlussfolgerung, dass dieselben VOCs in der Wurzelpetersilie tendenziell vermehrt synthetisiert werden können, bestätigt die bereits diskutierte Vermutung im Kontext von Tabelle 3.7, dass die Akzessionen mit typischen Wurzeleigenschaften im Allgemeinen etwas mehr zur Resistenz gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* tendieren als die restlichen Prüfglieder.

VOCs wie Cymenol, Myristicin, α 76 sowie (*E*)2-Hexenal und α 95 zeigen zwar etwas stärkere positive bzw. negative Korrelationen mit dem Merkmal Blattkräuselung, jedoch korrelieren dieselben VOCs größtenteils nur sehr schwach mit den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini*. Demzufolge kann geschlussfolgert werden, dass krause Petersilie nicht relevant erhöhte oder verringerte VOCs-Gehalte besitzt, die die Anfälligkeit für *S. petroselini* und *P. petroselini* beeinflussen (Tabellen 3.9, 3.12 und 3.13). Als Ausnahme kann die Substanz (*E*)2-Hexenal angeführt werden, die in den krausen Petersilientypen tendenziell weniger synthetisiert wird, was die Abwehr gegenüber *S. petroselini* und *P. petroselini* senken könnte.

Bezogen auf die Arbeitsziele konnten in den vorhergehenden Abschnitten des Unterpunktes 4.1 erstmals innerhalb einer solch hohen Variabilität von Petersilie Hinweise auf nicht uninteressante Beziehungen zwischen Eigenschaften der Morphologie, dem Befall durch *S. petroselini* oder *P. petroselini* und morphologischen Merkmalen sowie den Wirt-Parasit-Interak-

tionen von *S. petroselini* und *P. petroselini*, VOCs und morphologischen Merkmalen, VOCs und den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* sowie *P. petroselini* aufgezeigt und diskutiert werden.

Molekulargenetische Analysen und Baumstruktur auf der Grundlage von genetischen Distanzen

Die verwendeten molekularen Methoden (RAPD, dpRAPD, AFLP und SRAP) sind als geeignet einzuschätzen, um genomische Diversitäten zu untersuchen (Seyffert 2003, Vos *et al.* 1995, Li und Quiros 2001). Aktuellere Veröffentlichungen wie Domblides *et al.* 2010 zeigen jedoch weitere mögliche RAPD- und „inter-simple sequence repeat“ (ISSR)-Primerkombinationen innerhalb von Petersilie, welche in künftige Arbeiten eingebunden werden sollten. Für sich anschließende Analysen müsste auch das relativ kostengünstige „next generation sequencing“ (NGS), wie Iorizzo *et al.* (2011) es für Untersuchungen der Diversität in *Daucus carota* genutzt haben, herangezogen werden.

Die molekularen Cluster des Dendrogramms in Abbildung 3.4 sind neben einer differenzierten Analyse genetischer Distanzen von Akzessionen untereinander als Merkmal für die Verrechnungen entsprechend der molekularen Cluster 1 und 2 mit den Ereignissen 1 und 2 für die Genotypen eingebunden worden.

Beziehungen genetischer Cluster zu taxonomischen Zuordnungen und morphologischen Merkmalen

Durch die mitgeführte Außengruppe Sellerie in Abbildung 3.4 (Budahn *et al.* 2008b) wird deutlich, dass der genetische Abstand innerhalb der Petersilienkollektion im Vergleich zur Außengruppe relativ groß ist.

Da die beiden großen molekularen Cluster innerhalb der Art *Petroselinum crispum* sich jeweils nicht deutlich unterteilen, ist eine weitere Strukturierung dieser beiden molekularen Hauptcluster zu spekulativ.

Tabelle 3.15 lässt darauf schließen, dass es nur die *var. crispum* und die *var. tuberosum* sind, die sich fast vollständig molekulargenetisch weit voneinander entfernen. Untermauert wird dieses Ergebnis dadurch, dass auch Übergangstypen bezüglich der Blattkräuselung der *var. vulgare* / *var. neapolitanicum* und der *var. crispum* in das molekulare Cluster 1 sowie zu den Wurzeltypen tendierende Akzessionen der *var. vulgare* / *var. neapolitanicum* in das molekulare Cluster 2 fallen. Aufgrund des Verhältnisses von ca. 2:1 der Akzessionen der *var. vulgare* / *var. neapolitanicum* bezüglich der beiden molekularen Cluster wird eine ungefähre Gleichverteilung angenommen.

Auch nach Lohwasser *et al.* (2010a) und Declercq (2009) trennen sich die Petersilienakzessionen in einer mittels der Software „PAUP“ erstellten Baumstruktur in ein älteres und ein jüngeres Cluster, die sich nahezu identisch zu den zwei hier beschriebenen molekularen

Clustern aufstellen. Dabei sind die Akzessionen der var. *crispum* in das ältere und die Akzessionen der var. *tuberosum* in das jüngere Cluster eingeordnet worden.

Ebenfalls wurde die molekulargenetische Trennung von Wurzeltypen und krauser Blattpetersilie in Untersuchungen von Domblides *et al.* (2010) festgestellt. Einerseits trennen sich in diesen Analysen die Wurzeltypen komplett von den Blatttypen, andererseits separieren sich in diesen Untersuchungen die krausen Typen auch nicht vollkommen von den Blatttypen. Das Sortiment von Domblides *et al.* (2010) bestand aus 32 Akzessionen, die größtenteils Sorten waren. Die Anzahl der verwendeten molekularen Marker betrug 117.

Ergänzend dazu existieren bei der Möhre sich molekulargenetisch separierende Distanz- und auch PCA-Cluster bezüglich der Wurzelform (Baranski *et al.* 2012), ferner gibt es beim Koriander bzw. Sellerie Ergebnisse von Lopez *et al.* (2008) und Muminović *et al.* (2004), die Korrelationen von genetischen Distanzclustern zu weiteren phänotypischen Eigenschaften beschreiben.

Die berechneten Korrelationskoeffizienten zwischen den morphologischen Merkmalen und den molekularen Clustern in Tabelle 3.16 bestätigen die absoluten Verhältnisse der infraspezifischen Taxa in den molekularen Clustern aus Tabelle 3.15.

Der Grund für die schwachen Beziehungen der Merkmale Blattkräuselung, Wurzelverholzung und Wurzelverdickung zu den molekularen Clustern, obwohl alle Wurzelpetersilien im molekularen Cluster 2 sowie 93% der Akzessionen der var. *crispum* im molekularen Cluster 1 liegen, ist darin zu suchen, dass neben den benannten Genotypen der var. *crispum* oder var. *tuberosum* bzw. mit Tendenz zu var. *crispum* oder var. *tuberosum* sich auch 110 bzw. 58 Akzessionen der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* in die molekularen Clustern 1 oder 2 einordnen (Tabelle 3.16).

Da die Baumstruktur in Abbildung 3.4 versucht, alle berechneten genetischen Distanzen der Akzessionen nach der mathematisch-statistischen Methode UPGMA mit möglichst minimalen Abweichungen abzubilden (Knoop und Müller 2009), wird einerseits ein sehr guter Überblick über die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Art Petersilie gegeben, andererseits kann es dabei jedoch leichte Abweichungen zwischen der Angabe der berechneten Werte aus der Distanzmatrix und den abgelesenen genetischen Distanzen in Abbildung 3.4 geben (Knoop und Müller 2009). Weiterhin können einzelne Gruppen von Akzessionen bestimmter infraspezifischer Taxa u.a. clusterweise nicht in ihren genetischen Distanzen zueinander ersehen werden, weshalb die Ergebnisbeschreibung zu Abbildung 3.4 um die Auswertung der Berechnungen der genetischen Distanzen ergänzt wurde (Tabelle 7.10).

Die relativ hohe durchschnittliche genetische Distanz der beiden molekularen Cluster, beschränkt auf die Akzessionen der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum*, untermauert die bisherigen Schlussfolgerungen über hohe Variabilitäten innerhalb der var. *vulgare* / var. *neapolitanicum* bezüglich der Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie der untersuchten morphologischen Merkmalen nun auch durch molekulargenetische Analysen.

Da die genetischen Distanzen zwischen den beiden molekularen Clustern deutlich von den durchschnittlichen genetischen Distanzen der Akzessionen der var. *crispum*, inklusive aller Übergangstypen bezüglich der Blattkräuselung, im molekularen Cluster 1 zu den Genotypen der var. *tuberosum* mit den drei Akzessionen, welche zum Wurzeltyp tendieren, im molekularen Cluster 2 übertroffen werden, sind innerhalb der Art Petersilie am weitesten die krausen Blatttypen von den Wurzeltypen entfernt.

Betrachtet man ergänzend die genetischen Distanzen der Außengruppe Sellerie zu den Akzessionen jedes infraspezifischen Taxons sowie die genetischen Distanzen von Sellerie zu den beiden molekularen Clustern 1 und 2, wird deutlich, dass die var. *tuberosum* mit den drei Akzessionen, welche zum Wurzeltyp tendieren, am engsten verwandt mit der Außengruppe Sellerie zu sein scheint (Abbildung 3.4 und Tabelle 7.10). Da die Sellerieakzessionen ausschließlich zur Varietät *rapaceum*, also Knollensellerie, zählen (Tabelle 7.4), könnten syntenische Effekte, wie bei Tanksley *et al.* (1992) beschrieben, ein möglicher Teil der Ursache dafür sein.

Im Zusammenhang mit Abbildung 3.4 wurden Genotypen mit einer mittleren genetischen Distanz von mindestens 0,4 zu den weiteren Akzessionen desselben molekularen Clusters als „Ausreißer“ bezeichnet. Die mittleren Distanzen der Ausreißer zu den übrigen Akzessionen desselben infraspezifischen Taxons eines Clusters sind, verglichen zur Distanz zwischen den beiden molekularen Cluster, als relativ klein, im Vergleich zu den mittleren genetischen Distanzen innerhalb der Akzessionen desselben infraspezifischen Taxons jedoch als relativ groß zu werten (Tabelle 7.10).

Beziehungen genetischer Cluster zu Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini*

Die in Tabelle 3.17 dargestellten Korrelationen der molekularen Cluster 1 und 2 zu den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* lassen auf eine starke Tendenz des molekularen Clusters 1 zu höherer Anfälligkeit gegen diese Pathogene schließen.

Einerseits konnte bei Lopez *et al.* (2008) sowie Shim und Jørgensen (2000) für Koriander und Möhre eine Beziehung zwischen der genetischen Distanz und dem geographischen Ursprung des Genotyps festgestellt werden, andererseits wurde bei Jørgensen (1994) eine neue Form von Resistenz gegen Mehltau in Gerste aus Äthiopien beschrieben. Angelehnt an diese Erkenntnisse in anderen Kulturarten könnte es möglich sein, dass es auch Unterschie-

de in der Anfälligkeit gegen Pathogene zwischen genetisch weiter entfernten Genotypen innerhalb von Petersilie gibt.

Zieht man Abbildung 3.5 zur Betrachtung v.a. der Abbildungen 3.1a und 3.2a+b hinzu, werden Agglomerationen von schwächerem und stärkerem Befall durch *S. petroselinii* und *P. petroselinii* auf dem Anbauplan teilweise besser begründet als durch Abbildung 3.3 allein.

Beziehungen genetischer Cluster zu volatilen organischen Verbindungen und deren Clustern einer Hauptkomponentenanalyse

Bereits diskutierte VOCs wie (*E*)-2-Hexenal, Hexenal und (β)-Myrcen sowie Dimethylstyrol oder a40, die auch zu den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselinii* und *P. petroselinii* schwach negativ korrelieren, stehen ebenfalls mit den molekularen Clustern des Dendrogramms in Beziehung, jedoch moderat bis stark. Hierbei sind die Gehalte der betreffenden VOCs im molekularen Cluster 2 des Dendrogramms höher. Der Korrelationskoeffizient von (*E*)-2-Hexenal zum molekularen Cluster 2 ist mit 0,74 als hoch zu werten. Es muss also von einer nicht unerheblichen Beziehung zwischen molekularen Clustern und den oben genannten VOCs ausgegangen werden, die sich wiederum negativ auf die Symptomatik gegenüber *S. petroselinii* und *P. petroselinii* auswirken.

Für die Auswertung von Inhaltsstoffmustern ist die Anwendung der PCA als angebracht einzuschätzen, da somit viele Variablen auf wenige Hauptfaktoren eingeschränkt werden können, die den größten Teil an der Gesamtvariation erklären (Härdle und Simar 2012). Auch bei Ulrich *et al.* (2008) wurden mittels dreidimensionaler PCA (erklärte Varianzen - Faktor 1: 27,22 %, Faktor 2: 19,15 %, Faktor 3: 19,15 %) über 132 VOCs des Weltsortimentes-Petersilie tendenziell dieselben Aussagen bezüglich der Gruppierungen der Akzessionen gemacht. Bei Lopez *et al.* (2008) erklärten die ersten drei Hauptkomponenten der PCA 37,5 %, 24,8 % und 9,1 % der Gesamtvariation zwischen 60 Korianderpopulationen über das ätherische Öl und Fettsäuren der Früchte. Die ersten drei Faktoren in Abbildung 3.6a+b sind mit 27,30 % und 16,47 % sowie 8,92 % im Vergleich zu Lopez *et al.* (2008) auf einem etwas niedrigeren, jedoch aussagekräftigen Niveau. Untersuchungen zur infraspezifischen chemischen Variabilität mittels PCA auf der Basis von ätherischem Öl wurden u.a. bei *Pimenta pseudocaryophyllus* von Paula *et al.* (2011) vorgenommen.

Die mit insgesamt 10 abweichenden Akzessionen hohe Übereinstimmung der PCA-Cluster mittels VOCs zu den molekularen Clustern des Dendrogramms bestätigt die Trennung des Petersiliensortiments chemotaxonomisch in zwei Hauptgruppen.

Auch bei Koriander wurden signifikante Korrelationen zwischen Clustern der genetischen Distanz und PCA bezüglich der Inhaltsstoffe festgestellt (López *et al.* 2008).

Dass die abweichenden Genotypen in den Clustern des Dendrogramms PET 124, PET 125 und PET 145 sich bis auf PET 103 auch als abweichende Akzessionen bezüglich der PCA-Cluster zeigen, bestätigt die Beziehung zwischen Genotyp und Muster der VOCs, somit auch den aparten Charakter dieser Prüfglieder (Abbildung 3.6a+b, Tabelle 7.9).

Da alle 16 Genotypen, die eine Resistenzreaktion gegen sowohl *S. petroselinii* als auch *P. petroselinii* zeigen, konsistent dem molekularen Distanzcluster 2 (Abbildung 3.4) wie auch dem VOCs-PCA-Cluster b (Abbildung 3.6a+b) zuzuordnen sind, werden die Beziehungen zwischen Wirt-Parasit-Interaktionen und Zugehörigkeit zu molekularen Distanzclustern oder VOCs-PCA-Clustern der untersuchten Akzessionen bestätigt (Tabelle 7.9).

Akzessionen, die beim Vergleich molekularer Distanzcluster, VOCs-PCA-Cluster oder Wirt-Parasit-Interaktionen Zuordnungen bzw. Eigenschaften entgegen der Tendenz zeigen, sind in Tabelle 7.9 dargestellt.

Entsprechend des Arbeitszieles konnte erstmals die Beschreibung der Art Petersilie auf molekulargenetischer Basis in Verbindung mit morphologischen und inhaltsstofflichen Erhebungen sowie Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselinii* und *P. petroselinii* erfolgreich durchgeführt werden. Ausprägungen morphologischer Merkmale und Gehaltsklassen von VOCs gruppieren sich teilweise analog zu den molekularen Distanzclustern. Ebenfalls gibt es moderate Beziehungen zwischen den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselinii* sowie *P. petroselinii* und den Hauptclustern der molekulargenetischen Distanzanalyse. Diese Ergebnisse stellen u.a. elementare Erkenntnisse für die Züchtung von Petersilie dar.

4.2 Assoziationsstudie-Weltsortiment

Da nach Nothnagel und Straka (2005) in der Kulturart Petersilie wie auch in weiteren Arten aus der Familie der Doldenblütler mit weniger hohem globalen Anbauanteil bzw. in anderen Kulturarten aus der Gruppe der Arznei- und Gewürzpflanzen Genotypisierungen weitestgehend unbekannt sind, konnten keine vorliegenden molekularen Marker Kandidaten mittels einer Assoziationsstudie überprüft bzw. verifiziert werden.

Jedoch ist die Methodik der Assoziationsstudie innerhalb des Weltsortimentes-Petersilie als angebracht zu beurteilen, da somit erstmals molekulare MTAs innerhalb von Petersilie aufgestellt werden konnten. Gegebenenfalls werden durch die Verwendung eines diversen Sortimentes von Akzessionen innerhalb einer Assoziationsstudie sehr eng assoziierte Marker-

kandidaten aufgestellt (Buckler und Thornsberry 2002, Oraguzie *et al.* 2007).

Die Anzahl der molekularen Marker von 181 in der vorliegenden MTA-Studie ist innerhalb eines Screenings als hinreichend zu betrachten. Jedoch werden für hochauflösende MTA-Studien, je nach Genomgröße der Spezies, weitaus mehr molekulare Marker eingesetzt (Oraguzie *et al.* 2007). Beim Chromosomensatz der Petersilie von $2n = 22$ (Mandy 1970) ist bei einer angenommenen homogenen Verteilung der molekularen Marker über das Genom von ca. 8 molekularen Markern pro Chromosom auszugehen.

Da es über eine Assoziationsstudie grundlegend aber nicht möglich ist Kopplungsgruppen aufzustellen, sind für eine Kartierung von molekularen Markerkandidaten aus einer MTA-Studie bspw. spaltende Populationen notwendig (Rode 2009, Link 2008). Aufgrund der Verwendung von ausschließlich unkartierten molekularen Markern kann in der vorliegenden Arbeit der Begriff Assoziationsstudie, jedoch nicht die Bezeichnung Assoziationskartierung richtig sein.

Populationsstruktur

Die Prüfung auf Strukturierung der Population muss über den Zweck der Einbindung dieser Ergebnisse in die Berechnungen von MTAs hinaus als Ergänzung der Ergebnisse der Distanzanalyse der Petersilienakzessionen unter Punkt 3.1 betrachtet werden.

Die Anzahl der verwendeten 181 molekularen Marker für die Untersuchung der Populationsstruktur bei Petersilie kann im Vergleich zu Neumann *et al.* (2011) ausreichen.

Aufgrund der hohen Variabilität in den geographischen Herkunft, morphologischen Merkmalen, Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie Gehalten an VOCs ist dieses Sortiment als geeignet für die Analyse innerhalb einer MTA-Studie zu bewerten. Es könnte jedoch eine Verringerung des Umfangs an Akzessionen bei Beibehaltung der Variabilität und somit die Aufstellung einer core collection wie bei Neumann *et al.* (2011) und Zhao *et al.* (2010) geprüft werden.

Die Anzahl an Untergruppen (K) innerhalb der Gesamtpopulation kann nach Evanno *et al.* (2005) u.a. dort gewählt werden, wo die Wahrscheinlichkeitskurve $L(K)$ ein Plateau erreicht, was in Abbildung 3.7 für $K = 2$ als eindeutig beurteilt werden kann. Da die Untergruppen dieselben Genotypen wie die molekularen Cluster 1 und 2 beinhalten, werden die Ergebnisse der genetischen Distanzanalyse unter Punkt 3.1 untermauert (Tabelle 7.1).

Die Strukturierung der Population in zwei Untergruppen zeigt sich nach Jorde (2000) und Oraguzie *et al.* (2007) nicht als günstig für die Aussagekraft der Ergebnisse der MTA-Studie. Jedoch wird durch die Einbeziehung der Q- und k-Matrizen in die Verrechnung die Wahrscheinlichkeit von falsch-positiven Assoziationen gesenkt (Pritchard und Rosenberg 1999, Pritchard *et al.* 2000).

Die im Ergebnisteil unter 3.2 benannten acht Akzessionen (PET 29, PET 63, PET 64, PET 67, PET 103, PET 124, PET 125, und PET 145), welche Wahrscheinlichkeiten von $\leq 80\%$ für die jeweilig zugeordnete Untergruppe Q1 oder Q2 aufweisen (Tabelle 7.6), sind im Dendrogramm (Abbildung 3.4) auf der linken Außenseite der entsprechenden molekularen Cluster zu finden. Verglichen mit den übrigen Akzessionen des zugeordneten infraspezifischen Taxons desselben molekularen Clusters distanzieren sich diese Genotypen genetisch deutlich und bestätigen somit die relativ niedrigen Wahrscheinlichkeiten für die jeweilige Untergruppe, die im Kontext zu den Tabellen 3.20a+b beschrieben wurden.

Da ferner die zwischen der Zugehörigkeit zu den genetischen Clustern und der Zuordnung zu den PCA-Clustern der VOCs abweichenden Akzessionen (PET 67, PET 124, PET 125 und PET 145) relativ niedrige Wahrscheinlichkeiten für die jeweilig zugeordnete Untergruppe Q1 oder Q2 vorweisen, bestätigt dies teilweise erneut die gute Konsistenz der Ergebnisse der Distanzanalyse zur Analyse auf Populationsstruktur.

Detaillierte Informationen zu den Akzessionen, welche sich als abweichend von der Tendenz bezüglich der Zuordnung bzw. der Wahrscheinlichkeiten der Zugehörigkeit zu den Untergruppen Q1 oder Q2 im Vergleich zu den PCA-Clustern der VOCs oder den genetischen Clustern der Distanzanalyse zeigen, sind in Tabelle 7.9 dargestellt.

Assoziationen molekularer Marker

Eine wichtige Voraussetzung für die Berechnung des LD ist das Vorliegen einer Kopplungskarte der verwendeten molekularen Marker. Da diese Voraussetzung nicht gegeben ist, können lediglich Korrelationen als Maße für die Assoziationen zwischen den molekularen Markern diskutiert werden.

Das in Tabelle 3.21 als Schwelle für eine enge Assoziation gesetzte $r^2 \geq 0,5$ kann als gerechtfertigt beurteilt werden, da es auf eine relativ hohe Korrelation ($r \geq 0,71$) zurückgeht. Die MW von r^2 der eng assoziierten Marker in den Untergruppen Q1 und Q2 zeigen sich etwas höher als in der Gesamtpopulation-Petersilie, was plausibel ist, da in den Untergruppen Q1 und Q2 höhere MW der eng assoziierten molekularen Marker zu erwarten sind als innerhalb der Gesamtpopulation. Hingegen ist die Anzahl der eng assoziierten molekularen Marker und der signifikant assoziierten Marker sowie die MW von r^2 aller Markerpaare in den Untergruppen Q1 und Q2 nicht unerheblich geringer als in der Gesamtpopulation-Petersilie, was vordergründig nicht schlüssig scheint. Jedoch ist die Erklärung dafür einfach. Relativ hohe negative Korrelationen von einem nicht unwesentlichen Teil der molekularen Marker innerhalb der Gesamtpopulation können die Ursache dafür darstellen. Durch die Quadratur von r zu r^2 werden diese vielen relativ hohen negativen Korrelationen zu genauso vielen relativ hohen Bestimmtheitsmaßen. Dadurch muss geschlussfolgert werden, dass in den Untergruppen Q1 und Q2 jeweils nicht wenige Markerbanden vermehrt in nur jeweils einer der bei-

den Untergruppen Q1 oder Q2 vorkommen.

Die relativ niedrigen Assoziationen innerhalb der Untergruppen Q1 und Q2 sowie der Gesamtpopulation zwischen allen signifikanten molekularen Markerpaaren sprechen für eine relativ unabhängige Verteilung der Marker innerhalb des Genoms. Auf eine Gleichmäßigkeit der Verteilung der molekularen Marker über das Genom kann nicht zwangsläufig geschlossen werden, da die eingesetzten molekularen Marker nicht kartiert wurden und somit eine Aussage über ihre Lokalisation auf den Chromosomen nicht möglich ist.

Molekularer Marker-Merkmal-Assoziationen zu Morphologie, Wirt-Parasit-Interaktion und volatile organische Verbindung

Die Markerkandidaten in den Tabellen 3.22, 3.23, 3.24a+b wurden aufgrund der signifikanten Erklärung der Varianzen der ausgewählten Merkmale durch das MLM ausgewählt. Die für die Adjustierung des p-Wertes nach der Bonferroni-Methode gewählte, globale Irrtumswahrscheinlichkeit von 5 % kann als standardisiert eingeordnet werden. Die Bonferroni-Korrektur ist nach Köhler *et al.* (2002) als sehr konservativ einzustufen, jedoch wird dadurch eine Reduktion der molekularen Marker auf jene eingeschränkt, welche die niedrigsten Irrtumswahrscheinlichkeiten aufweisen.

Ergänzend zum Auswahlkriterium der Signifikanz wird der Effekt des molekularen Markers angegeben, der durch das MLM berechnet wurde. Dieser gibt an, um wie viel Einheiten sich die durchschnittliche Merkmalsausprägung ändert, wenn die jeweilige Markerbande vorhanden ist, verglichen zu einer nicht vorhandenen Bande. Somit bekommt man unter Berücksichtigung aller möglichen Boniturstufen eines Merkmals näherungsweise Aufschluss über den erklärten Anteil an der gesamten Varianz der jeweiligen Markerkandidaten. Es gibt bei jedem Marker nur zwei Zustände, da die verwendeten Markersysteme dominant sind.

Für alle Merkmale konnten molekulare Markerkandidaten aufgezeigt werden, wobei sowohl die Anzahl als auch die Effekte der errechneten Markervorschläge für die Merkmale sehr stark schwanken. Bei Merkmalen mit einer höheren Anzahl von molekularen Markervorschlägen sind es allerdings nur sehr wenige bzw. einzelne, die einen größeren Effekt zeigen. Die unter Punkt 3.2 für mehrere Merkmale vorgeschlagenen molekularen Marker (z.B. OPA09+OPA10-605 und me1+em2-423) lassen entweder auf gemeinsame molekulare Markerkandidaten oder falsch positive Assoziationen schließen. Einerseits wird zwar durch die Verwendung des MLMs (Bradbury *et al.* 2007) und die sehr konservative Adjustierung des p-Wertes nach Bonferroni (Köhler *et al.* 2002) die Wahrscheinlichkeit, falsch positive Assoziationen zu erhalten, nicht unerheblich reduziert, andererseits sind die Effekte der untereinander schwach bis moderat korrelierten Merkmale der Morphologie, Wirt-Parasit-Interaktionen und Gehalte an VOCs teilweise wenig schlüssig. Folglich müssten die entsprechenden Markerkandidaten für die Merkmale innerhalb einer bspw. spaltenden F_2 -Population überprüft werden.

Da die Phänotypdaten von Blattkräuselung, Wurzelverholzung und -verdickung sehr hohe Heritabilitäten zeigten (Tabelle 3.1), kann die Nutzung von einem Versuchsstandort für die Suche nach molekularen Markerkandidaten für diese Merkmale als gerechtfertigt beurteilt werden.

Dass der molekulare Markerkandidat me1+em2-423, welcher auch für einen Großteil der anderen Merkmale aufgezeigt wird, einen Effekt von -0,76 für die Wurzelverholzung hat, ist bei den zwei Boniturstufen 0 und 1 nicht unerheblich und bietet einen wertvollen Anknüpfungspunkt für mögliche weitere Forschungen. Die relativ schwachen bis moderaten Effekte der vorgeschlagenen Markerkandidaten für die Wurzelmerkmale lassen mehrere genetische Regionen, die zur Variation dieser Eigenschaften beitragen, nicht unmöglich erscheinen, ebenso sind die Markerkandidaten für die Blattkräuselung zu interpretieren.

In Anlehnung dazu werden bei Lange (2007) Ergebnisse zur genetischen Determination der Speicherwurzelbildung angeführt, welche u.a. bekräftigen, dass die Speicherwurzelbildung von verschiedenen „Minor-QTL“ bestimmt wird.

Die Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* zeigen einerseits mit den molekularen Markern OPA03+OPA04-265 für *S. petroselini* und me1+em6-361 für *P. petroselini* nicht eng assoziierte Markerkandidaten ($r^2 \approx 0,4$; $p \leq 0,05$; Abbildung 7.4) mit relativ starken Effekten von 2,53 bzw. -2,65, die für die ausgewählten VOCs nicht aufgezeigt werden. Somit sollte für die Marker OPA03+OPA04-265 und me1+em6-361 eine mäßige Assoziation der genetischen Hintergründe von Resistenzreaktionen, die mit der Abwehr durch VOCs nicht wesentlich in Beziehung stehen, nicht ausgeschlossen werden.

Andererseits kommt der molekulare Markerkandidat me1+em4-494 mit vergleichbar großen Effekten von 2,58 für *S. petroselini*-Befall und 2,10 für *P. petroselini*-Befall ausschließlich für die zuvor genannten Wirt-Parasit-Interaktionen vor. Auch deshalb könnten assoziierte genetische Hintergründe der Resistenzreaktionen gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* ohne erhebliche Beteiligung von VOCs möglich sein.

Die Effekte von Markerkandidat me1+em2-423 mit 3,77 für *S. petroselini* und 2,70 für *P. petroselini* sowie der zuvor für *S. petroselini* und *P. petroselini* genannten Markerkandidaten sind, auf die Boniturstufen der Wirt-Parasit-Interaktionen bezogen, als gut zu beurteilen. Ein Vergleich wird bei Jahrde (2010) mit aufgezeigten Markerkandidaten für Kandidatengene, die mit Resistenz bzw. Anfälligkeit gegen *Blumeria graminis* f.sp *hordei*, Erreger des echten Mehltaus der Gerste (*Hordeum vulgare*), assoziiert sind, ermöglicht. Aufgezeigte Markerkandidaten zeigen nicht selten Bestimmtheitsmaße, die zwischen 30 % und 40 % der Gesamtvarianz des Mehltaubefalls erklären.

Da es bspw. mit den zuvor genannten Markerkandidaten OPA03+OPA04-265 und me1+em4-494 ($r^2 \approx 0,6$; $p \leq 0,05$; Abbildung 7.4) für *S. petroselini*-Befall sowie me1+em6-361 und me1+em4-494 ($r^2 \approx 0,3$; $p \leq 0,05$; Abbildung 7.4) für *P. petroselini*-Befall jeweils Kandidaten gibt, die untereinander mäßig bis moderat assoziiert sind, könnten sowohl unabhängige als auch leicht assoziierte genetische Regionen für die entsprechenden Wirt-Parasit-Interaktionen möglich sein. Im Weizen sind sowohl einzelne Gene als auch QTL-Regionen für Resistenzreaktionen gegen *Septoria tritici* bekannt (Wilson 1979, Somasco *et al.* 1996 und Simon *et al.* 2010). Darüber hinaus wurden in der Sonnenblume neben Major-Genen auch unabhängige QTL-Regionen für die Resistenz gegen *Plasmopara halstedii* aufgezeigt (Vear *et al.* 2008, Tourvieille de Labrouhe *et al.* 2008, 2010).

Eine enge Beziehung zwischen VOCs und Wirt-Parasit-Interaktionen wird bspw. durch den molekularen Markerkandidaten EATT/MCCC-183 untermauert, welcher für die Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie für VOCs wie (β)-Myrcen und (*E*)2-Hexenal vorgeschlagen wird.

Die molekularen Markerkandidaten OPA09+OPA10-605 und EATT/MCCT-107 werden ausschließlich innerhalb der VOCs, jedoch für mehrere Substanzen vorgeschlagen, was die Aussage von Schwab (2003), der relativ wenige verantwortliche Gene für die gemeinsame Kontrolle der großen Anzahl von VOCs vermutet, bekräftigt.

Assoziationen molekularer Markerkandidaten

Vergleicht man die Assoziationen der 41 molekularen Markerkandidaten aus Tabelle 3.25 mit den Assoziationen molekularer Marker in Tabelle 3.21 der Gesamtpopulation-Petersilie fällt auf, dass u.a. die MW der Bestimmtheitsmaße aller molekularen Marker sowie die MW von r^2 der eng assoziierten Markerkandidaten ein ähnlich hohes Niveau aufweisen. Dies deutet nicht auf eine besonders hohe oder niedrige Assoziation der 41 molekularen Markerkandidaten hin.

Bezüglich der Arbeitsziele kann zum Punkt 4.2 zusammengefasst werden, dass zu den Merkmalen Wurzelverdickung und -verholzung, Blattkräuselung, Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie relevanten VOCs aussichtsreiche molekulare Markerkandidaten aufgestellt werden konnten, die eine wertvolle Basis für anknüpfende Forschungen darstellen.

4.3 Landrasse-Typen im Weltsortiment-Petersilie – geographische Ursprungsregionen

Um auf die ursprüngliche geographische Herkunft schließen zu können, wurde ein Sortiment von Landrassen-Typen zusammengestellt, bei dem vor allem Handelsware unberücksichtigt blieb. Durch diese Herangehensweise wurde es ermöglicht, entsprechende Akzessionen der geographischen Herkunft zuzuordnen. Die Herkunftsländer der Akzessionen sind aufgrund ihrer Lage in entsprechende geographische Regionen zusammengefasst worden.

Beziehungen molekularer Cluster zu geographischen Herkünften

Dass sich bei Petersilie Akzessionen aus dem nahen und mittleren Osten mit angrenzenden Gebieten und Westeuropa im molekularen Cluster 1 sowie Genotypen aus dem Raum Nordafrika und Osteuropa vermehrt im molekularen Cluster 2 wiederfinden (Tabelle 3.27), ist als Tendenz zu werten, da es stets einige Akzessionen aller Regionen gibt, die im jeweils konträren molekularen Cluster liegen. Beziehungen zwischen genetischer Distanz und dem Ursprung des Genotyps konnten auch bei Lopez *et al.* (2008) und Shim und Jørgensen (2000) für Koriander bzw. Karotte festgestellt werden. Die fast gleiche Aufteilung der Akzessionen aus Italien und Kroatien auf beide molekularen Cluster ist evtl. auf die nach N.N. (2003) geographisch zentrale Lage in Verbindung mit der bedeutenden Rolle vom historischen Italien im freien Handel im Mittelmeerraum zurückzuführen.

Beziehungen zwischen Landrasse-Typen und Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini*

Die Tabelle 3.29 zugrundeliegende Fragestellung ist, ob eventuell Resistenzen gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* durch Anpassung an weitere ökonomisch wichtige Zuchtziele v.a. bei den kommerziellen Sorten oder anderer Handelsware gegenüber ursprünglichen Genotypen verloren gegangen sein könnten bzw. unberücksichtigt blieben. Bei Dunemann *et al.* (2009) wurde bspw. beschrieben, dass es keine resistente Apfelsorte gegen den Apfelschorf gibt, obwohl entsprechende Resistenzdonoren verfügbar wären. Die Ursache ist darin zu suchen, dass die resistenten Genotypen im Aroma und Geschmack kein vergleichbar komfortables Niveau gegenüber kommerziell bedeutenden Sorten bieten.

Hingegen kann auch die Möglichkeit nicht ausgeschlossen werden, dass aufgrund von Anpassung oder Selektion innerhalb von Sorten Resistenzen gegenüber *S. petroselini* und *P. petroselini* gesteigert wurden. Exemplarisch dazu berichten Marthe und Scholze (2006), dass an gemäßigte europäische Standortbedingungen angepasstes Material gegenüber entsprechend nicht angepassten Herkünften über zwei Versuchsjahre weniger *Alternaria*-anfällig waren.

Die Ergebnisse von Tabelle 3.29 lassen eine Tendenz der LR-Typen zur Anfälligkeit bzw. zur Resistenz gegenüber *S. petroselini* und *P. petroselini* bei Petersilie als unwahrscheinlich erkennen.

Es gibt in der Literatur nicht wenige Hinweise auf Untersuchungen, die sich mit der Suche von Resistenzen in LR-Akzessionen befassen. In Anlehnung dazu wurde in den 1970er Jahren in Landrassetypen von Gerste aus Äthiopien eine neue Art von Resistenz („Mildew Resistance Locus O“ - MLO) gegen *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* entdeckt (Jørgensen 1994). Ferner wurde bei Huang *et al.* (1997) u.a. in Landrassen nach neuen Resistenz-Genen gegen *Blumeria graminis* f. sp. *tritici*, Erreger des echten Mehltaus bei Weizen, gesucht.

Beziehungen zwischen Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* beziehungsweise *Plasmopara petroselini* und geographischen Herkünften

Die dargestellten Ergebnisse lassen vermuten, dass es einen Einfluss auf die Stärke des Befalls durch *S. petroselini* und *P. petroselini* in Abhängigkeit der geographischen Ursprungsregionen der Akzessionen gibt. Die Abgrenzung der geringeren Anfälligkeiten der 26 Akzessionen aus Osteuropa zum höheren Befall der 47 Akzessionen des nahen und mittleren Ostens sowie angrenzender Gebieten sind als deutlich zu bewerten (Tabelle 3.30).

Dass die Akzessionen aus Osteuropa relativ gute Resistenzen gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* zu haben scheinen, wurde bereits in Marthe *et al.* 2012 beschrieben.

Dass von den 16 Akzessionen, die resistent gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* sind, 7 Landrasse-Typen aus Osteuropa sowie zwei weitere aus dem Gebiet Italien und Kroatien stammen, bekräftigt eine Häufung der Akzessionen mit geringerem Befall durch *S. petroselini* und *P. petroselini* in Osteuropa. Sieben der zuvor genannten 16 Akzessionen, welche den einzigen vollkommenen symptomfreien Genotypen gegen *S. petroselini* und *P. petroselini* einschließen, sind keine Landrasse-Typen und können somit keiner geographischen Region zugeordnet werden (Tabelle 7.9).

Jedoch handelt es sich für Petersilie bezüglich der Höhe des Befalls durch *S. petroselini* und *P. petroselini* innerhalb der Akzessionen einer geographischen Region lediglich um Tendenzen, da stets eine Variation der Wirt-Parasit-Interaktionen vorliegt.

Die Spannweite des Befalls durch *S. petroselini* und *P. petroselini* ausschließlich der Akzessionen aus Italien und Kroatien ist jeweils maximal, was auf die Verteilung dieser geographischen Region über beide molekulargenetischen Cluster des Dendrogramms zurückgeführt werden könnte (Tabelle 3.27).

Die in Tabelle 3.31 dargestellten Häufigkeiten bezüglich der infraspezifischen Taxa aller LR-Typen in Abhängigkeit von der geographischen Ursprungsregion verdeutlichen, dass auch hier der Großteil der Variabilität der regionalen Herkünfte im Sortiment den Akzessionen der *var. vulgare* / *var. neapolitanicum* entspringt.

Entsprechend der Zielstellung konnte unter Punkt 4.3 aufgezeigt werden, dass die LR-Akzessionen von Petersilie einem geringen Einfluss der geographischen Ursprungsregionen auf die molekulargenetische Einordnung sowie den Befall durch *S. petroselini* und *P. petroselini* unterliegen. Es konnte unter den Versuchsbedingungen nicht belegt werden, dass LR-Akzessionen als nicht an Sorteneigenschaften angepasstes Material resistenter bzw. anfälliger gegen *S. petroselini* oder *P. petroselini* reagieren.

4.4 Ausprägung der *Septoria petroselini*-Resistenz in weiteren Versuchen

Die Versuche *S. petroselini* 08/3, VPc08/301 und VPc09/311 unter Punkt 3.4 dienen in dieser Arbeit der Betrachtung von Resistenz- bzw. Anfälligkeit gegen *S. petroselini* verschiedener Linien vor dem Hintergrund fortschreitender Selektion auf dieses Merkmal.

Die Ergebnisse des Befalls der Grundpopulationen des Versuches VPc07/31, welche für die Entwicklung der verschiedenen Linien in den Resistenzversuchen *S. petroselini* 08/3, VPc08/301 und VPc09/311 die Grundlage bildeten, wurden als Boniturnoten zum Zeitpunkt 21.09.07 vergleichend in die Betrachtung der Resistenzversuche *S. petroselini* 08/3, VPc08/301 und VPc09/311 einbezogen (Tabellen 3.32 bis 3.36).

Aufgrund der sehr guten Befallsentwicklung durch *S. petroselini* im Versuch *S. petroselini* 08/3 wurde der Befall bereits 16 dpi in die Auswertung einbezogen. Die Umfänge der EP pro Prüfglied im Klimakammertest *S. petroselini* 08/3 können als repräsentativ beurteilt werden (Tabelle 3.34).

Die Zusammensetzungen der Versuche VPc08/301 und VPc09/311 sowie des Klimakammerversuches *S. petroselini* 08/3 bezüglich der Genotypen waren aus Gründen der Kapazitätsbeschränkung nicht vollkommen identisch (Tabellen 3.34 bis 3.36).

Die Boniturnoten des Endbefalls vereinfachen, als übliches Befallsmaß bei Feldversuchen, die Vergleichbarkeit von Ergebnissen. Die mittleren Befallswerte (AUDPC) sind differenzierter, da einerseits nach Bedarf Tendenzen auf der Befallsskala nach oben oder unten reichend eingeflossen sind (Tabelle 2.4). Andererseits basieren die mittleren Befallswerte (AUDPC) auf mehreren Boniturterminen und repräsentieren den gesamten Befallsverlauf, was bei quantitativer Resistenzausprägung nicht ohne Bedeutung ist.

Am Beispiel der sehr guten Rangkorrelation von $r_s = 0,97$ im Versuch *S. petroselini* 08/3 wird deutlich, dass die beiden Befallsmaße, Boniturnote des Endbefalls und mittlerer Befall (AUDPC), in der Rangfolge der Prüfglieder sehr gut übereinstimmen.

Der natürliche Befall in den Freilandversuchen VPc08/301 und VPc09/311 sowie der künstliche Befallsdruck im Klimakammerversuch *S. petroselini* 08/3 waren im Allgemeinen verhältnismäßig hoch und gleichmäßig, was die guten Korrelationen zwischen den Wiederholungen innerhalb der Versuche belegen.

Damit wurde hinsichtlich des Klimakammerversuches *S. petroselini* 08/3 die eigens dafür entwickelte Testmethodik und auch die dafür aufgegriffenen Angaben von Marthe und Scholze (1996), Hagner-Holler (2002) sowie Kurt und Tok (2006) bestätigt.

Durch die guten bis sehr guten Korrelationen der Versuchsergebnisse von *S. petroselini* 08/3 und VPc09/311 sowie von VPc07/31 und VPc09/311 wird die Stabilität der Resistenz zwischen den Versuchen auch zwischen mehreren Jahren unterstrichen.

Sowohl die Grundpopulationen als auch die daraus selektierten Linien der Versuche *S. petroselini* 08/3, VPc08/301 und VPc09/311 deuten durch die resistenten Prüfglieder mit verlangsamtem Befallsverlauf und niedrigerem Endbefall gegenüber anfälligeren Prüfgliedern nach Marthe und Scholze (1997) auf eine quantitative Ausprägung der Resistenz von *S. petroselini* hin und bestätigen somit die entsprechende Vermutung unter Punkt 4.1.

Die unter den getesteten Prüfgliedern kaum vorkommende absolute Symptomfreiheit ist typisch für pertotrophe Erreger wie *S. petroselini* und weist ebenfalls auf eine quantitative Ausprägung der Resistenz gegen *S. petroselini* hin (Marthe und Scholze 1997).

Da die auf Resistenz oder Anfälligkeit gegen *S. petroselini* selektierten Inzuchtlinien der Versuche VPc08/301, VPc09/311 und *S. petroselini* 08/3 die entsprechenden Grundpopulationen in diesen Eigenschaften übertreffen bzw. die verzögerten oder beschleunigten Befallsverläufe noch deutlicher ausgeprägt zeigen, belegt einerseits, dass erfolgreich auf Resistenz und Anfälligkeit selektiert werden konnte, und andererseits, dass demzufolge eine genetisch fixierte Ursache für die *S. petroselini*-Resistenz vorliegt (Abbildung 4.3).

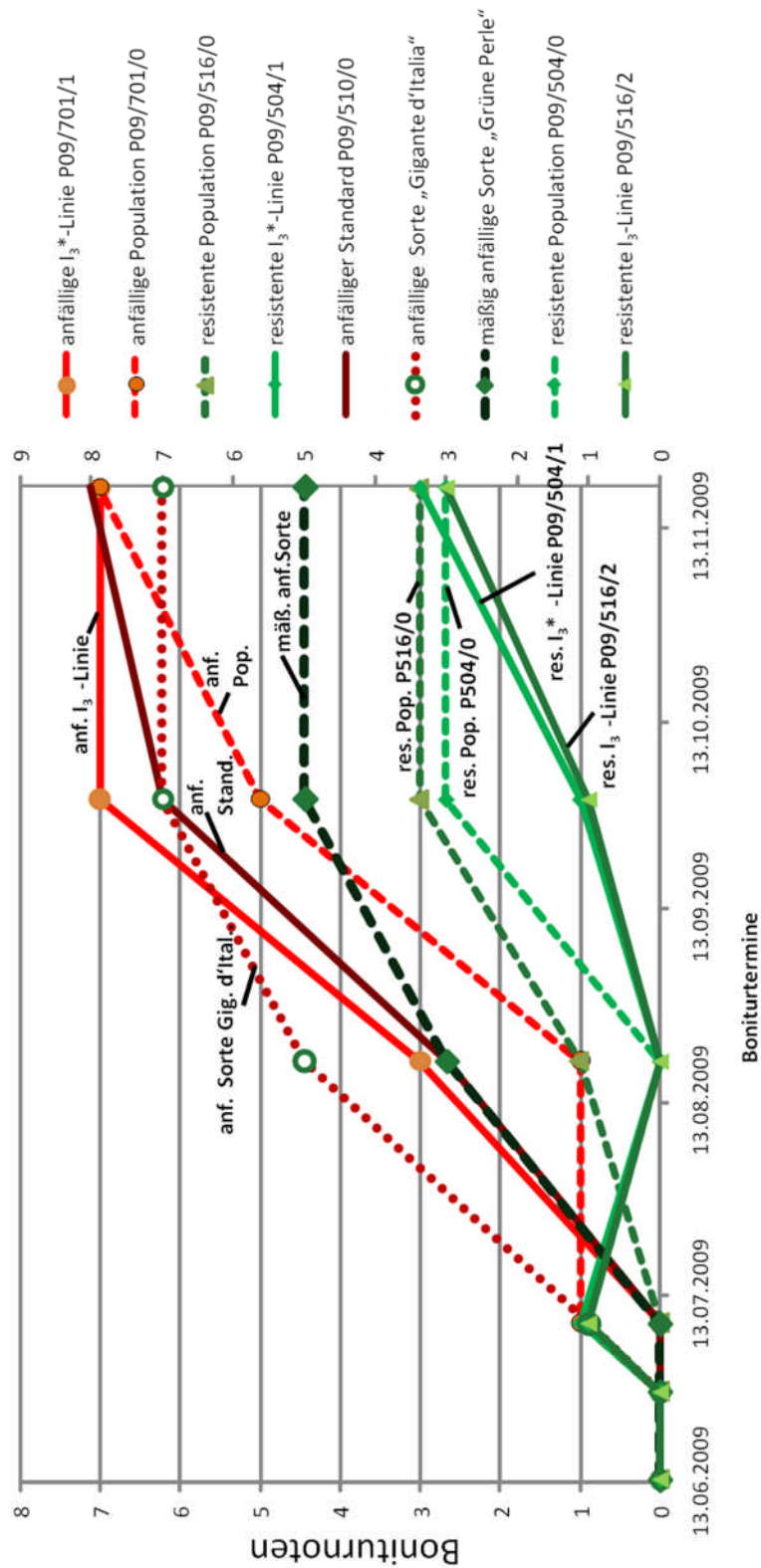


Abb. 4.3: *S. petroselini*-Befall nach Boniturnoten zu fünf Terminen ausgewählter Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc09/311

Da das für den Klimakammerversuch auf Resistenz gegen *S. petroselini* 08/3 verwendete Pilzisolat „ES14“ in mehreren Versuchen die deutlich höchste Virulenz innerhalb mehrerer Isolate unterschiedlicher Standorte aufwies (Hagner-Holler 2002, Struckmeyer und Marthe 2008), ist der Befallsdruck seitens *S. petroselini* als potenziell sehr hoch zu bewerten. Weiterhin lässt die nicht vorhandene Rassenspezifität von *S. petroselini* (Struckmeyer und Marthe 2008) auf repräsentative Ergebnisse bezüglich des *S. petroselini*-Befalls aller Prüfglieder schließen. Ein nicht rassenspezifisches Verhalten von *S. petroselini* weist auf eine horizontale Resistenzausprägung hin (Hallmann *et al.* 2007).

Dass die PG der Linie 701/1 und 701/2, welche aus der gemeinsamen Grundpopulation 701/0 selektiert wurden, die Anfälligkeit bzw. Resistenz einzig im Klimakammerversuch *S. petroselini* 08/3 relativ deutlich zeigen konnten, zeigt eine Umweltvariabilität der Resistenz. Einerseits könnte dies dafür sprechen, dass sich ein Teil der Resistenz auf VOCs gründet, welche nach Peñuelas und Llusà (2001) teilweise umweltabhängig sind. Andererseits würde die Umweltvariabilität auch auf eine typische Eigenschaft der horizontalen Resistenz deuten (Hallmann *et al.* 2007).

Die Arbeitsfragen konnten unter Punkt 4.4 durch Auffinden von aussichtsreichen Resistenzquellen gegen *S. petroselini*, die Hinweise auf eine quantitative Ausprägung der *S. petroselini*-Resistenz in Freiland- und Klimakammerversuchen sowie Steigerung der Resistenz gegen *S. petroselini* durch Selektion beantwortet werden, die wertvolle Erkenntnisse für die Nutzung in der Pflanzenzüchtung darstellen.

4.5 Beziehungen volatiler organischer Verbindungen zu Wirt-Parasit-Interaktionen von *Septoria petroselini* des Weltsortimentsversuches-Petersilie in weiteren Freilandversuchen

Die Beschränkung innerhalb der Versuche VPc08/301 und VPc09/311 auf jene 11 VOCs, welche die vier zu den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie den molekulargenetischen Clustern des Dendrogramms jeweils positiv und negativ stärksten Beziehungen unter Punkt 3.1 widerspiegeln, versucht innerhalb der Art Petersilie gültige Tendenzen, die sich im Weltsortimentsversuch VPc07/31 aufzeigen ließen, an relativ wenigen gegenüber *S. petroselini* resistenten und anfälligen Genotypen zu verifizieren (Tabellen 3.32, 3.33, 3.35, 3.36).

Der Weltsortimentsversuch-Petersilie wurde in dieser Arbeit aufgrund der hohen Anzahl an Genotypen als Maßstab genommen, um möglichst allgemeingültige Aussagen finden zu können.

Die VOCs, die unter Punkt 3.1 am stärksten positiv oder negativ zu den morphologischen Merkmalen korrelieren, wurden bei der Auswahl der VOCs theoretisch nicht berücksichtigt. Die Ursache dafür ist in zu geringen Umfängen oder auch gar nicht vorhandenen Prüfglie-

dem aus der var. *crispum* bzw. der var. *tuberosum* in den Versuchen VPc08/301 und VPc09/311 zu sehen.

Praktisch sind diese VOCs, bis auf die Verbindungen a95 und a80 des Weltsortimentsversuches, aufgrund der ebenfalls starken Beziehungen zu den Wirt-Parasit-Interaktionen *S. petroselini* und *P. petroselini* sowie den molekularen Clustern des Dendrogramms auch in den Betrachtungen zu VPc08/301 und VPc09/311 enthalten.

Die Korrelationen zwischen VOCs und *S. petroselini*-Befall innerhalb der Genotypenauswahl des Weltsortimentsversuches bestätigen größtenteils die Beziehungen zwischen VOCs und *S. petroselini*-Befall aus dem gesamten Petersilien-Weltsortiment und zeigen somit die Möglichkeit der Beziehungen zwischen VOCs und *S. petroselini*-Befall für die entsprechenden Genotypen in den Versuchen VPc08/301 und VPc09/311 auf.

Ausgehend vom gesamten Weltsortiment hin zur Genotypenauswahl aus dem Weltsortiment-Petersilie können die Übereinstimmungen der Korrelationen zwischen VOCs und *S. petroselini*-Befall bei (*E*)2-Hexenal, Hexanal, (β)-Myrcen und Dimethylstyrol sowie Sesquiphellandren, (*Z*)3-Hexenol, (*p*)-Menthenol und Terpinenol als relativ gut beurteilt werden.

Aufgrund der eingeschränkten Prüfgliedanzahl vor allem bei der Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch-Petersilie können jedoch nur Tendenzen aufgezeigt werden, die nicht stets statistisch signifikant sind (Tabelle 3.40).

Eine Überprüfung der Beziehungen zwischen VOCs und Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselini* in den beiden Freilandversuchen VPc08/301 und VPc09/311 bestätigt die Korrelationen tendenziell für (*E*)2-Hexenal, Hexanal, (β)-Myrcen und Dimethylstyrol sowie Sesquiphellandren, (*Z*)3-Hexenol, (*p*)-Menthenol und Terpinenol (Tabellen 3.41, 3.42).

Ebenfalls wird (β)-Myrcen, schwach bis moderat mit verminderter *S. petroselini*-Anfälligkeit korrelierend, und (*Z*)3-Hexenol, schwach bis moderat mit erhöhter Anfälligkeit für *S. petroselini* korrelierend, bei Hoberg *et al.* (2007) und Ulrich *et al.* (2011) bestätigt.

Da einerseits der *S. petroselini*-Befall in den Versuchen VPc07/31, VPc08/301 und VPc09/311 zwar ausreichend gut, jedoch auf natürlichen Infektionen beruhend und somit nicht absolut identisch war, andererseits die VOCs im Gehalt nach Peñuelas und Llusà (2001) und Olbricht *et al.* (2008) bedingt umweltabhängig sind, zeigen folglich die Korrelationswerte vom *S. petroselini*-Befall zu den VOCs zwischen der Genotypenauswahl von VPc07/31, VPc08/301 und VPc09/311 nicht dasselbe Niveau.

Die VOCs a75 und a40 müssten in einem ersten Schritt identifiziert werden, um dann evtl. bereits bekannte Beziehungen zur Resistenz bzw. Anfälligkeit gegen *S. petroselini* in der Literatur zu überprüfen (Tabellen 3.42).

Die Frage innerhalb der Zielsetzung dieser Arbeit, ob sich Beziehungen zwischen den betrachteten VOCs und dem Befall durch *S. petroselini*, welche im Weltsortimentsversuch-

Petersilie aufgezeigt werden konnten, sich in weiteren Feldversuchen bestätigen lassen, konnte resümierend zum Punkt 4.5 im Allgemeinen positiv beantwortet werden.

4.6 Vererbung der *Septoria petroselini*-Resistenz

Um die Vererbung der *S. petroselini* Resistenz zu untersuchen, wurden wenig *S. petroselini*-anfällige mit hoch anfälligen Genotypen mittels Handkreuzung kombiniert. Bei den Kreuzungseltern handelt es sich um EP aus wenig heterozygoten Linien der Inzuchtstufe I₂ (Tabelle 3.44). Im Folgenden werden die unter Punkt 3.6 dargestellten Befallswerte von F₁-Kreuzungsnachkommen und F₂-Familien der Klimakammerversuche 08/1 und 10/4 auf *S. petroselini*-Resistenz diskutiert.

Kreuzungserfolg und molekularer Nachweis von F₁-Nachkommen

Aufgrund der kleinen Blüten und der Blütenmorphologie ist das Kreuzen von Petersiliendolden nicht ohne Schwierigkeit und Aufwand. Die verwendete Kreuzungsmethodik ist als neu zu werten. Das Ziel der Entwicklung der Kreuzungsmethodik war, gute Kreuzungserfolge unter Berücksichtigung der dafür benötigten Zeit zu erzielen.

Da die Ergebnisse der molekular bestätigten Kreuzungsnachkommen von sehr gut bis zur Null-Schwelle variieren, kann auf mehrere Möglichkeiten als Ursache dafür geschlossen werden. Die Vermutung einer Abhängigkeit des Erfolges für Kreuzungsnachkommen von der jeweiligen Mutterlinie der Kreuzungskombination als Ursache ist nicht unbegründet. Die Ursache liegt darin, dass ausschließlich in der Kreuzungskombination „anfällig x resistent“ ein unvergleichlich schlechtes Ergebnis von Null erreicht wird (Tabelle 3.43).

Mit der durchschnittlichen Erfolgsquote von 57,78 % zu allen molekular geprüften EP und 67,5 % bei Nichtberücksichtigung der EP aus der Kreuzungskombination „anfällig x resistent“ kann die entwickelte Kreuzungsmethodik als gut beurteilt werden. Laut van Niekerk (2005) ist ebenfalls ein Kreuzungserfolg mittels unterschiedlicher Methoden von 50 bis 75 % erreicht worden, obwohl nicht definiert wurde, ob es sich bei dem Erfolg um bspw. Kornansatz oder bestätigte Kreuzungsnachkommen handelte.

Weiterhin spielten unabhängig von der gewählten Methodik zur Kreuzungsdurchführung z.B. die Präzision der Arbeit und der, auf die Blütenentwicklung bezogen, gewählte Zeitpunkt zur Kreuzungsdurchführung wie auch die Pollenqualität eine nicht unerhebliche Rolle.

Innerhalb der Doldenblütler wie Petersilie ist der Einsatz molekularer Methoden aufgrund der relativ geringen globalen wirtschaftlichen Bedeutung generell rar (Nothnagel und Straka 2005). Da keine molekularen Marker mit polymorphen Bandenmuster für die getesteten F₁-Nachkommen bekannt waren, konnte lediglich auf innerhalb des Weltsortimentes- Petersilie funktionierende Primerkombinationen (Punkt 3.1), zurückgegriffen oder es mussten unbekannte Primerkombinationen verwendet werden.

Bewertung von F₁-Kreuzungsnachkommen und F₂-Nachkommenschaften *Septoria petroselini*-resistenter Linien in Klimakammertests auf Resistenz gegen *Septoria petroselini*

Die Ergebnisse des Klimakammerversuches auf Resistenz gegen *S. petroselini* 08/1 lassen einen dominanten Erbgang zu, da sich die F₁-Pflanzen im MW des *S. petroselini*-Befalls statistisch gesichert in der Gruppe der resistenten Mutterpflanzen mit dem resistenten Standard wiederfinden. Der anfällige Standard und der anfällige Bestäuber ziehen durch den stärkeren Befall eine deutliche statistische Abgrenzung nach sich und belegen somit gleichzeitig einen hohen Befallsdruck sowie eine gute Versuchsmethodik.

Die Anzahl der F₁-Pflanzen ist als gering, jedoch statistisch als ausreichend zu beurteilen. Mehr eindeutige F₁-Kreuzungsnachkommen konnten aufgrund von Beschränkungen der Arbeitskapazität molekular nicht bestätigt werden (Tabelle 3.44).

Die Ergebnisse des dargestellten F₂-Klimakammerversuches 10/4 auf Resistenz gegen *S. petroselini* weisen nach den Ergebnissen der F₁-Kreuzungsnachkommen ebenfalls auf eine dominante Vererbung der Resistenz gegen *S. petroselini* der Linie P01/504/1 hin (Abbildung 3.11, Tabellen 3.45, 3.46 und 7.11).

Auf jene Terpene wie (β)-Myrcen oder Terpinenol und VOCs wie (E)2-Hexenal oder Hexanal, welche mit dem Niveau der Resistenz bzw. Anfälligkeit gegen *S. petroselini* in Beziehung stehen (Punkt 3.1 und 3.5), kann hier als mögliche Komponenten der Resistenz gegen *S. petroselini* bei der Betrachtung der Vererbung der Resistenz nicht eingegangen werden.

Um anknüpfend an diese Arbeit, die für Terpene in von Rudloff (1984) leichte weibliche Dominanz und für Terpene sowie weitere VOCs bei Olbricht *et al.* (2008) teilweise mäßige Heritabilität mit quantitativer Ausprägung des Gehaltes nach Vererbung bei Petersilie im Zusammenhang zur Resistenz gegen *S. petroselini* untersuchen zu können, müssten die Gehalte der VOCs zu den Resistenzdaten von *S. petroselini* über die zu analysierenden Generationen von EP erhoben werden.

Da der Saatgutansatz (F₂-Saatgut) der F₁-Kreuzungsnachkommen in der Qualität und Menge nicht dem Standard entsprach und die Keimfähigkeit des F₂-Saatgutes im Gewächshaus durchschnittlich sehr niedrig war, konnte nicht die erwünschte, jedoch eine ausreichende Anzahl an EP zu jeder F₂-Familie geprüft werden.

Im Klimakammerversuch *S. petroselini* 10/4 wird durch den anfälligen Bestäuber und Standard, die sich deutlich vom resistenten Bestäuber und Standard separieren und statistisch gesichert in einer Gruppe liegen, der hohe Infektionsdruck belegt (Tabellen 3.45).

Der Test auf Anpassung mittels χ^2 wurde für jede der drei F₂-Familien durchgeführt, da die drei F₂-Verteilungen aufgrund signifikanter Abweichungen in den Häufigkeitsverteilungen nicht zusammengelegt werden konnten. Da der kritische χ^2 -Wert ($p = 0,95$; FG = 1) 3,841 beträgt, entsprechen die Verteilungen der F₂-Familie (1 + 3) mit berechneten χ^2 -Werten unter

dem kritischen Wert mit einer Wahrscheinlichkeit von $\geq 95\%$ einer 3:1-Verteilung. Die F_2 -Familie (2) weicht durch einen höheren berechneten χ^2 -Wert als dem kritischen Wert deutlich von einer 3:1-Verteilung ab.

Durch erhebliches Absinken der Häufigkeiten auf unter 10 % der EP bei allen drei F_2 -Familien nach den angegebenen Grenzwerten im Befall, wird für jede F_2 -Familie individuell begründet eine Grenze für die Trennung von resistenten und anfälligen EP gezogen. Die Wahl eines Grenzwertes individuell für jede F_2 -Familie ist als günstig zu bewerten, da die Mutterpflanzen aus I_2 -Linien der F_2 -Familien (1, 2+3) nicht homozygot und identisch bezüglich des Erbgutes waren wie bspw. bei DH-Pflanzen und somit die F_2 -Familien geringe Resistenzunterschiede zeigen konnten. Die Verhältnisse der EP können unter den beschriebenen Versuchsbedingungen als Verteilungen in der F_2 -Generation mit dominant-monogenem Erbgang interpretiert werden (Tabelle 3.46).

Der allgemeine Heterozygotiegrad der Eltern der Initialkreuzungen von ca. 25% bezüglich eines postulierten Resistenzgens allein kann bei Betrachtung der Ergebnisse der F_2 -Familien als Ursache für Abweichungen vom angenommenen Spaltungsverhältnis von 3:1 bezüglich der Resistenzreaktionen vernachlässigt werden. Der Grund liegt darin, dass bei einer postulierten intragenischen Wechselwirkung von dominant/rezessiv für ein resistentes und ein anfälliges Gen die F_1 -Kreuzungsnachkommen durch ihre hochresistenten Reaktionen im Klimakammertest 08/1 auf Resistenz gegen *S. petroselini* über die meiotische Zellteilung der Eltern nur die Allelkombination resistent/anfällig haben konnten (Tabelle 3.44).

Es muss jedoch bemerkt werden, dass sich dieses Ergebnis nur auf die F_2 -Familien der Elternpflanzenkombination dieser Initialkreuzung bezieht. Der untersuchte Resistenzeffekt gegen *S. petroselini* könnte durch vielfältige Mechanismen reguliert werden.

Andere Genotypen könnten durchaus abweichende F_2 -Verteilungen nach sich ziehen und auch Erbgut beinhalten, welches mit weiteren Resistenzmechanismen korrespondiert.

Dies würde u.a. die quantitative Verteilung des Befalls durch *S. petroselini* im Weltsortiment in Abbildung 4.1 einerseits erklären, andererseits könnte aber auch die unterschiedliche Verteilung von Gehalten der VOCs zwischen den Akzessionen diese quantitative Befallsverteilung fördern.

Bei Petersilie sind aus der veröffentlichten Literatur bislang keine Untersuchungen zum Erbgang der *S. petroselini*-Resistenz bekannt. Einzelne Resistenzgene gegen die *Septoria*-Blattdürre beim Weizen werden in der Literatur hingegen bestätigt (McCartney *et al.* 2003, Somasco *et al.* 1996). Weiterhin sind bei Wilson (1979) und Kleijer *et al.* (1977) Angaben über dominante Resistenzgene gegen den verursachenden Erreger der Weizen-Blattdürre *Septoria tritici* und den verursachenden Erreger der Spelzenbräune *Septoria nodurum* bei Weizen zu finden.

Warum sich ein dominantes Gen, vor allem bei der Petersilie als Fremdbefruchter, nicht durchgesetzt und damit weiter verbreitet hat, könnte einerseits damit erklärt werden, dass

Akzessionen, die eine erhöhte *S. petroselinii*-Resistenz aufweisen, im sensorischen Eindruck etwas vom Petersilientypischen u.a. ins Bittere, Beißende und Krautige reichend, abweichen (Hoberg *et al.* 2007 und Ulrich *et al.* 2011). Masanetz und Grosch (1998) berichten bspw. über (β)-Myrcen als eine Hauptaromakomponente der Petersilie, die ein metallisches, krautiges Aroma erzeugt.

Andererseits handelt es sich unter Punkt 3.6 nur um die Resistenz der Herkunft P01/504/1 und somit ist es möglich, dass es noch weitere Resistenzen innerhalb der Art Petersilie gibt, die sich nicht dominant vererben.

Die Frage nach dem Erbgang der *S. petroselinii*-Resistenz innerhalb der Zielsetzung dieser Arbeit konnte unter Punkt 4.6 mittels Klimakammertests auf Resistenz gegen *S. petroselinii* beantwortet werden und bildet gleichzeitig einen interessanten Anknüpfungspunkt für folgende Untersuchungen.

4.7 Ausblick

Da aufgrund der hohen Prüfgliedanzahl im Weltsortimentsversuch-Petersilie nur eine agronomische Wiederholung pro Standort angebaut werden konnte, wäre eine Verifikation der Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselinii* und *P. petroselinii* sowie der Gehalte an VOCs empfehlenswert.

Diesbezüglich stellen die vorliegenden Ergebnisse bereits jetzt wichtige Erkenntnisse u.a. für die Nutzung in der Pflanzenzüchtung dar. Darüber hinaus bilden die gewonnenen Resultate auch eine gute Basis für die Aufstellung einer „core collection“, die, wie bei Börner *et al.* (2011) beschrieben, durch den eingeschränkten Umfang an Akzessionen die Möglichkeit bietet, hohe Diversität des Materials mit intensiven Analysen zu verknüpfen.

Weiterhin bieten parallel zu den hier aufgezeigten molekularen Markerkandidaten weitere molekulare Analysen in einer sich anknüpfenden MTA-Studie einer „core collection“ bspw. mittels DArT („Diversity Array Technology“)-Markern (Jaccoud *et al.* 2001), ISSR-Markern wie bei Domblides *et al.* (2010) oder „next generation sequencing“ (NGS) wie bei Iorizzo *et al.* (2011) die Möglichkeit, neue molekulare Markerkandidaten zu suchen bzw. zu nutzen.

Anknüpfend wäre es sinnvoll, in teilweise bereits vorliegenden F₂-Nachkommenschaften geeigneter Eltern Beziehungen zwischen Wurzelverdickung und -verholzung, VOCs und Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselinii* und *P. petroselinii* sowie molekulare Markerkandidaten für diese Merkmale zu überprüfen. Somit wäre auch eine Kartierung molekularer Markerkandidaten möglich.

Innerhalb der Doldenblütler, bspw. bei der Möhre, könnte auf diesem Wege nach syntenischnen Abschnitten, wie für die Tomate und die Kartoffel als *Solanaceae* beschrieben (Tanksley *et al.* 1992), gesucht werden. So würden mittels Genotypisierung Grundlagen für die praktische Nutzung biologischer Ressourcen gelegt werden.

Im Weltsortiment-Petersilie auftretende Akzessionen mit Resistenz bzw. verminderter Anfälligkeit gegen *S. petroselinii* und *P. petroselinii* könnten nach Überprüfung der Stabilität der Resistenz in Feld- und Klimakammertests, als bedeutendes Ausgangsmaterial für die Züchtung von Petersilie dienen.

Um die Erkenntnisse bezüglich der Vererbung der *S. petroselinii*-Resistenz zu festigen und auch zu verfeinern, sollten weitere molekular bestätigte F₁-Kreuzungsnachkommen und F₂-Nachkommenschaften in der Klimakammer mittels Infektionstest auf Befall mit *S. petroselinii* überprüft werden und somit zu wertvollen Ergebnissen führen.

5 Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit konnten durch Variabilitätsuntersuchungen innerhalb eines Weltsortiments von 219 Petersilie-Herkünften, welches eine hohe phänotypische und genetische Vielfalt zugrunde legte, wertvolle Ergebnisse erzielt werden. Die Pathogene *S. petroselinii* und *P. petroselinii* zeigten erstmalig in diesem Umfang an Akzessionen Verteilungen im Befall, die auf eine quantitative bzw. qualitative Ausprägung der Resistenzen hindeuteten. Darüber hinaus zeigten *S. petroselinii* und *P. petroselinii* Befallsmuster, welche nicht unerhebliche Beziehungen aufwiesen. Genotypen mit einer nicht verholzten Wurzel bzw. einem verdickten rübenförmigen Wurzelkörper zeigten höhere Gehalte bei den VOCs (*E*)2-Hexenal, Hexenal, (β)-Myrcen und Dimethylstyrol. Schwach durch *S. petroselinii* bzw. *P. petroselinii* befallene Herkünfte wiesen höhere Gehalte an (*E*)2-Hexenal, (β)-Myrcen, Dimethylstyrol, Hexenal und der nicht identifizierten Substanz a40 auf, was einen Zusammenhang dieser Verbindungen mit den Abwehrreaktionen gegen die genannten Schaderreger möglich erscheinen lässt. Eine Distanzanalyse auf der Grundlage von 205 molekularen Markern führte zur Unterteilung der Kollektion in zwei Cluster. Die Merkmalsstufen von Blattkräuselung, Wurzelverdickung und Wurzelverholzung teilten sich, entsprechend der infraspezifischen Taxa *var. crispum* und *var. tuberosum*, fast vollkommen auf die beiden molekularen Distanzcluster auf. Zwischen den Akzessionen der molekulargenetischen Distanzcluster waren nicht unwesentliche Unterschiede in den Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselinii* und *P. petroselinii* zu verzeichnen. Die VOCs (*E*)2-Hexenal, (β)-Myrcen, Dimethylstyrol, Hexenal und die Substanz a40, die bereits höhere Gehalte bei Herkünften mit niedrigeren Befallsstufen von *S. petroselinii* und *P. petroselinii* bzw. mit typischen Eigenschaften für Wurzelpetersilie aufwiesen, standen auch mäßig bis stark zu den molekularen Distanzclustern in Beziehung. Eine auf der Basis von 42 VOCs durchgeführte Hauptkomponentenanalyse führte zu Clustern, die hinsichtlich der Akzessionen mit den molekulargenetischen Clustern der Distanzanalyse nahezu identisch waren. Eine Untersuchung auf Populationsstruktur führte zu zwei Untergruppen, die sich bezüglich der Akzessionen wie die beiden molekularen Cluster der Distanzanalyse zusammensetzten. Innerhalb einer Assoziationsstudie konnten für die Merkmale Wurzelverdickung, Wurzelverholzung, Blattkräuselung, die Wirt-Parasit-Interaktionen von *S. petroselinii* und *P. petroselinii* sowie 16 VOCs repräsentative molekulare Markerandidaten aufgestellt werden. Möglicherweise wären einige dieser Marker-Merkmal-Assoziationen in weiteren Analysen zu verifizieren bzw. auch mittels anderer molekularer Techniken zu verfeinern. Eine Auswahl von Landrasse-Herkünften ermöglichte die Einbindung der geographischen Ursprungsregionen der Akzessionen in die Auswertungen. Genotypen aus Nordafrika und dem Balkan ballten sich im molekularen Cluster zwei. Hingegen waren Akzessionen aus dem nahen und mittleren Osten oder angrenzender Gebiete und Westeuropa vermehrt im molekularen Cluster eins zu finden. Herkünfte aus der Balkanregion wiesen deutlich weniger Befall durch *S. petroselinii* und *P. petroselinii* auf. Auffällig höhere

Befallswerte durch *S. petroselini* und *P. petroselini* zeigten hingegen Genotypen aus dem nahen und mittleren Osten oder angrenzenden Gebieten.

Die Suche nach Resistenzquellen gegen *S. petroselini* in Petersilie hat zu aussichtsreichen Akzessionen geführt, die in der Resistenz mittels Selektion gesteigert werden konnten. Die Überprüfung der Ausprägung der Resistenz gegen *S. petroselini* bestätigte quantitative Eigenschaften. Die Beziehungen vor allem von Hexanal, (*E*)-2-Hexenal, (β)-Myrcen und Dimethylstyrol zur Resistenz gegen *S. petroselini* sind, ausgehend vom Weltsortiment-Petersilie, auf ähnlich hohem Niveau, teilweise enger, auch in weiteren Feldversuchen auf Resistenz gegen *S. petroselini* zu finden und machen somit erneut ein Zusammenspiel dieser VOCs mit der Abwehr gegen *S. petroselini* in ausgewählten Genotypen denkbar. Weiterhin konnte eine effektive Kreuzungsmethodik in Petersilie entwickelt werden, die in Abhängigkeit der zu kombinierenden Eltern hohe Erfolgsquoten erreichen ließ. Unter den gegebenen Versuchsbedingungen, mit dem verwendeten Pflanzenmaterial zeigten sich in Klimakammerversuchen auf Resistenz gegen *S. petroselini* Wirt-Parasit-Interaktionen, die einem monogen-dominanten Erbgang der Resistenz gegen *S. petroselini* entsprechen. Mit der vorliegenden Arbeit wurden aussichtsreiche Ergebnisse aufgezeigt, die eine Basis für anknüpfende Arbeiten bzw. die Nutzung in der Züchtung und schließlich auch für ökonomische und qualitative Verbesserungen mit einhergehender Schonung der Umwelt durch Senkung des Bedarfs an Fungizidanwendungen im Anbau von Petersilie bilden.

5 Summary

With the present work valuable results were generated by variability studies within a world collection of 219 parsley origins based on a high phenotypic and genetic diversity. For the first time with this range of accessions, the pathogens *S. petroselinii* and *P. petroselinii* showed distributions of attack which pointed to a quantitative or qualitative characteristic of resistance. Moreover, *S. petroselinii* and *P. petroselinii* showed infestation patterns which exhibited significant relations. Genotypes with a non-woody or a thickened napiform root showed higher levels of the VOCs (*E*)-2-hexenal, hexanal, (β)-myrcene and dimethylstyrene. Accessions weakly infested by *S. petroselinii* or *P. petroselinii* had higher contents of (*E*)-2-hexenal, (β)-myrcene, hexanal, dimethylstyrene and the unidentified substance a40, which suggests correlations of these compounds with the defense reactions against the two pathogens. A distance analysis on the basis of 205 molecular markers has led to the division of the collection into two clusters. The stages for the characteristics curling of leaf, thickening and lignification of root divided almost entirely between the two molecular distance clusters according to the infraspecific taxa var. *crispum* and var. *tuberosum*. Among the accessions of the molecular distance clusters, considerable differences in the host-parasite interactions of *S. petroselinii* and *P. petroselinii* were recorded. The VOCs (*E*)-2-hexenal, (β)-myrcene, hexanal, dimethylstyrene and the substance a40, which already had higher levels in genotypes with lower levels of infestation by *S. petroselinii* and *P. petroselinii* or with typical properties for root parsley, were also moderately to strongly related to the molecular distance clusters. A principal component analysis based on 42 VOCs led to two clusters which were almost identical with the molecular distance clusters as regards accessions. A study for population structure resulted in two subgroups having the same composition of accessions as the two molecular distance clusters. In an association study of the characteristics curling of leaf, thickening and lignification of root, and the host-parasite interactions of *S. petroselinii* and *P. petroselinii* and 16 VOCs, representative molecular marker candidates were found. Some of these marker-trait associations are interesting enough to be verified in further analyses or to be refined with other molecular techniques. A selection of landrace accessions enabled the integration of the regional provenance of the genotypes for the evaluations. Accessions from North Africa and the Balkans agglomerated in the molecular cluster two. However, genotypes from the Near and Middle East or adjacent regions and Western Europe were found mainly in the molecular cluster one. Accessions from the Balkan region were significantly less infested by *S. petroselinii* and *P. petroselinii*. Values of significantly stronger infestation by *S. petroselinii* and *P. petroselinii*, however, were shown by genotypes from the Near and Middle East or adjacent areas.

The search for sources of resistance to *S. petroselinii* in parsley has led to promising accessions, which could be increased for resistance via selection. The review of the occurrence of resistance to *S. petroselinii* confirmed quantitative properties. Based on the

world collection of parsley, relations mainly of hexanal, (*E*)-2-hexenal, (β)-myrcene and dimethylstyrene to resistance to *S. petroselini* are to be found on a similar level, partially closer, also in other field trials for resistance to *S. petroselini*, and thus a combination of these VOCs with the defense against *S. petroselini* in selected genotypes is conceivable. Furthermore, an effective methodology for the crossing of parsley had been developed, which achieved high rates of success depending on the parents to combine. Under the given experimental conditions, with the plant material used, host-parasite interactions which correspond to a monogenic dominant inheritance of resistance were found in climate chamber experiments on resistance to *S. petroselini*. The present study showed promising results which provide a basis for continuing research or utilization in plant breeding and, finally, for an increase of efficiency and quality in parsley cultivation, along with environmental conservation by reducing the need for applying fungicides.

6 Literaturverzeichnis

- Adam L, Aedtner D, Aedtner I, Adler C, Armbrüster N, Blaschek W, Blitzke T, Blüthner W-D, Bomme U, Buckenhüskes HJ, Dercks W, Eger H, Franke R, Franz C, Grünwald J, Hahn A, Hammer K, Heine H, Hoppe B, Hoppe K, Kabelitz L, Kabrodt K, Kadner R, Keim U, Koschier EH, Lange D, Liersch R, Lohwasser U, Novak J, Pank F, Riedle S, Riefler J, Rost D, Schellenberg I, Schilcher H, Schmatz R, Schnüber G, Siegers C-P, Steinhoff B, Tegtmeyer M, Teuscher E, Thomann R, Unger M (2009) Handbuch des Arznei- und Gewürzpflanzenanbaus - Band 1 - Grundlagen des Arznei- und Gewürzpflanzenanbaus I. Verein für Arznei und Gewürzpflanzen SALUPLANTA e.V. Bernburg, S. 218-220.
- Amein T, Olsson CHB, Wikstrom M, Wright SAI (2006) First report in Sweden of downy mildew on parsley caused by *Plasmopara petroselini*. Plant Disease 90(1): 111.
- Arroyo FT, Moreno J, Daza P, Boianova L, Romero F (2007) Antifungal activity of strawberry fruit volatile compounds against *Colletotrichum acutatum*. Journal of Agricultural and Food Chemistry 55(14): 5701-5707.
- Asima A, Jyoti S (2010) Genetic variability, heritability and genetic advance studies in Carrot (*Daucus carota* var. *sativa* L.). Electronic Journal of Plant Breeding 1(6): 1504-1508.
- Baranski R, Maksylewicz-Kaul A, Nothnagel T, Cavagnaro PF, Simon PW, Grzebelus D (2012) Genetic diversity of carrot (*Daucus carota* L.) cultivars revealed by analysis of SSR loci. Genetic Resources and Crop Evolution 59: 163-170.
- Bassam BJ, Caetanoanollés G, Gresshoff PM (1991) Fast and Sensitive Silver Staining of DNA in Polyacrylamide Gels. Analytical Biochemistry 196(1): 80-83.
- Bate NJ, Riley JCM, Thompson JE, Rothstein SJ (1998) Quantitative and qualitative differences in C₆-volatile production from the lipoxygenase pathway in an alcohol dehydrogenase mutant of *Arabidopsis thaliana*. Physiologia Plantarum 104(1): 97-104.
- Becker-Dillingen J (1956) Handbuch des gesamten Gemüsebaues. Paul Parey, Berlin - Hamburg, S. 614-618.
- Bedlan G (1999) *Septoria* leafspot, increasingly a problem in parsley. Pflanzenschutz (Wien) 15(4): 7.
- Bellin D, Peressotti E, Merdinoglu D, Wiedemann-Merdinoglu S, Adam-Blondon AF, Cipriani G, Morgante M, Testolin R, Di Gaspero G (2009) Resistance to *Plasmopara viticola* in grapevine 'Bianca' is controlled by a major dominant gene causing localised necrosis at the infection site. Theoretical and Applied Genetics 120(1): 163-176.
- Blee E (2002) Impact of phyto-oxylipins in plant defense. Trends in Plant Science 7: 315-322.
- Bohrer E (1989) Einfluss auf Erntetermin und Nacherntebehandlung auf Ertrag und qualitätsbestimmende Eigenschaften von Blatt Petersiliensorten (*Petroselinum hortense* Nym. ex hort kew. var. *foliosum* (Alef.) Thell) als Rohware zur Trocknung. Dissertation, Institut für landwirtschaftlichen und gärtnerischen Pflanzenbau der TU München, Lehrstuhl für Gemüsebau, Freising - Weihenstephan, S. 112.
- Börner A, Neumann K, Kobiljski B (2011) Wheat Genetic Resources - How to Exploit?. Czech Journal of Genetics and Plant Breeding 47(Special Issue): 43-48.
- Börner H (1997) Pflanzenschutzkrankheiten und Pflanzenschutz. Ulmer Verlag, Stuttgart, S. 64, 265.
- Bradbury PJ, Zhang Z, Kroon DE, Casstevens TM, Ramdoss Y, Buckler E (2007) TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. Bioinformatics Applications Note 23(19): 2633-2635.

- Brading PA, Verstappen ECP, Kema GHJ, Brown JKM (2002) A gene-for-gene relationship between wheat and *Mycosphaerella graminicola*, the *Septoria tritici* blotch pathogen. *Phytopathology* 92(4): 439-445.
- Breitmaier E (2005) Terpene - Aroma, Düfte, Pharmaka, Pheromone. Wiley VCH-Verlag GmbH & Co. KGaA, Weinheim, S. 2-22.
- Bresinsky A, Körner C, Kadereit JW, Neuhaus G, Sonnewald U (2008) Strasburger - Lehrbuch der Botanik. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, S. 910-914.
- Buckler ES, Thornsberry JM (2002) Plant molecular diversity an application to genomics. *Current Opinion in Plant Biology* 5: 107-111.
- Budahn H, Schrader O, Peterka H (2008a) Development of a complete set of disomic rape-radish chromosome-addition lines. *Euphytica* 162: 117-128.
- Budahn H, Ulrich D, Lohwasser U, Struckmeyer T, Krüger H, Börner A, Marthe F (2008b) Charakterisierung der genetischen Variabilität bei Petersilie (*Petroselinum crispum*). In Hoffmann S, Herrmann A, Taube F (Hg.) Vorträge für Pflanzenzüchtung - Kurzfassungen der Vorträge und Poster. Gemeinsame Tagung der GPZ und GPW: Biodiversität in der Pflanzenproduktion, 01.-02. Oktober 2008, Göttingen, S. 257-258.
- Cerkauskas R, Chiba M (1993) Association of photocarcinogenic furocoumarins with susceptibility of parsley cultivars for *septoria* blight. *Phytopathology* 83(12): 1356-1357.
- Cerkauskas RF, Uyenaka J (1990) 1st Report of *Septoria* Blight of Parsley in Ontario. *Plant Disease* 74(12): 1037.
- Cerkauskas RF (1991) Susceptibility of Parsley Cultivars to *Septoria* Blight. *Canadian Journal of Plant Pathology* 13(3): 273.
- Constantinescu O, Voglmayr H, Fatehi J, Thines M (2005) *Plasmoverna* gen. nov., and the taxonomy and nomenclature of *Plasmopara* (*Chromista*, *Peronosporales*). *Taxon* 54(3): 813-821.
- Crepel C, Inghelbrecht S (2003) First report of *Plasmopara petroselini* on parsley in Belgium. *Plant Disease* 87(10): 1266.
- Crüger G, Backhaus GF, Hommes M, Smolka S, Vetten HJ (2002) Pflanzenschutz im Gemüsebau. Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart, S. 99-102.
- D'Auria JC, Pichersky E, Schaub A, Hansel A, Gershenzon J (2007) Characterization of a BAHD acyltransferase responsible for producing the green leaf volatile (*Z*)-3-hexen-1-yl acetate in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Journal* 49: 194-207.
- Danert S (1959) Zur Gliederung von *Petroselinum crispum*. *Genetic Resources and Crop Evolution* 7(1): 73-81.
- Declercq M (2009) Charakterisierung der innerartlichen Diversität von *Petroselinum crispum* (Mill.) Nyman. Bachelorarbeit, Fachhochschule Wiesbaden, Fachbereich Geisenheim, Studiengang Gartenbau-Management, S. 8, 9, 21, 31, 32, 35.
- Desjardins AE, Spencer GF, Plattner RD, Beremand MN (1989) Furanocoumarin Phytoalexins, Trichothecene Toxins, and Infection of *Pastinaca sativa* by *Fusarium sporotrichioides*. *Phytopathology* 79(2): 170-175.
- Domblides AS, Domblides EA, Kharchenko VA, Potekhin GA (2010) Study of genetic variation among parsley (*Petroselinum crispum* (Mill.) Nym.) samples using RAPD and ISSR markers. *Biologiya* (4): 25-28.
- Dudareva N, Pichersky E, Gershenzon J (2004) Biochemistry of plant volatiles. *Plant Physiology* 135(4): 1893-1902.

- Dunemann F, Ulrich D, Boudichevskaja A, Grafe C, Weber WE (2009) QTL mapping of aroma compounds analysed by headspace solid-phase microextraction gas chromatography in the apple progeny 'Discovery' x 'Prima'. *Molecular Breeding* 23(3): 501-521.
- Eckey H (1992) Biochemische und Molekularbiologische Untersuchungen Ozon-induzierter Abwehrreaktionen in Petersilie (*Petroselinum crispum* L.). Dissertation, TU München, S. 215-217.
- Engler A (1964) Syllabus der Pflanzenfamilien - Band 2. Gebr. Bornträger, Berlin, S. 372-373.
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology* 14(8): 2611-2620.
- Feußner I, Wasternack C (2002) The lipoxygenase pathway. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology* 53: 275-297.
- Flor HH (1971) Current status of the gene-for-gene concept. *Annual Review of Phytopathology* 9: 275-296.
- Forwick J, Wunder J, Wingender R, Möselers BM, Schnabl H (2003) Morphometrische und molekularbiologische Erfassung und Untersuchung von Wildpflanzenpopulationen in Nordrhein-Westfalen als pflanzengenetische Ressourcen. Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL. (Forschungsbericht Nr. 114). Institut für Landwirtschaftliche Botanik, Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn, S. 11.
- Fritzsche R, Gabler J, Kleinhempel H, Naumann K, Plescher A, Proeseler G, Rabenstein F, Schliephake E, Wrazidlo W (2007) Handbuch des Arznei- und Gewürzpflanzenanbaus - Band 3 - Krankheiten und Schädigungen an Arznei- und Gewürzpflanzen. Verein für Arznei und Gewürzpflanzen SALUPLANTA e.V. Bernburg, S. 294-352.
- Gardner HW (1991) Recent investigations into the lipoxygenase pathway of plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)* 1084: 221-239.
- Gomi K, Yamasaki Y, Yamamoto H, Akimitsu K (2003) Characterization of a hydroperoxide lyase gene and effect of C₆-volatiles on expression of genes of the oxylipin metabolism in Citrus. *Journal of Plant Physiology* 160(10): 1219-1231.
- Grechkin A (1998) Recent developments in biochemistry of the plant lipoxygenase pathway. *Progr. Lipid Res.* 37: 317-352.
- Hagner-Holler S (2002) Auftreten und Biologie von *Septoria petroselini* (Desm.) an Petersilie (*Petroselinum crispum*). Dissertation, Institut für Pflanzenkrankheiten der Hohen Landwirtschaftlichen Fakultät der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, S. 65-79.
- Hallmann J, Quadt-Hallmann A, von Tiedemann A (2007) Phytomedizin - Grundwissen Bachelor. Eugen Ulmer KG, Stuttgart (Hohenheim), S. 191-202.
- Härdle WK, Simar L (2012) Applied multivariate statistical analysis. Springer-Verlag, Heidelberg – Dordrecht – London - New York, pp. 269-284.
- Henrion R, Henrion G (1995) Multivariate Datenanalyse : Methodik und Anwendung in der Chemie und verwandten Gebieten. Springer-Verlag, Berlin - Heidelberg, S. 10-43.
- Heß D (1990) Die Blüte. Eugen Ulmer, Stuttgart, S. 36-37.
- Heywood VH (1982) Blütenpflanzen der Welt. Birkhäuser Verlag, Basel – Boston - Stuttgart, S. 218-221.
- Hoberg E, Marthe F, Ulrich D (2007) Sensory quality of parsley (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nym.). *Zeitschrift für Arznei- & Gewürzpflanzen* 12(4): 180-188.
- Hong M, Zilinskas BA, Knipple DC, Chin CK (2004) *cis*-3-Hexenal production in tobacco is stimulated by 16-carbon monounsaturated fatty acids. *Phytochemistry* 65(2): 159-168.

- Honma S, Lacy ML (1980) Hybridization between pascal celery and parsley. *Euphytica* 29: 801-805.
- Huang XQ, Xsam SLK, Zeller FJ (1997) Identification of powdery mildew resistance genes in common wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.). IX. Cultivars, land races and breeding lines grown in China. *Plant Breeding* 116: 233-238.
- INDEXFUNGORUM [1] (2012)
<http://www.indexfungorum.org/Names/NamesRecord.asp?RecordID=423278>, konsultiert am 16.11.2012.
- INDEXFUNGORUM [2] (2012)
<http://www.indexfungorum.org/Names/NamesRecord.asp?RecordID=337128>, konsultiert am 16.11.2012.
- Iorizzo M, Senalik DA, Grzebelus D, Bowman M, Cavagnaro PF, Matvienko M, Ashrafi H, Van Deynze A, Simon PW (2011) De novo assembly and characterization of the carrot transcriptome reveals novel genes, new markers, and genetic diversity. *BMC Genomics* 12(389): 1-14.
- IPP-BOKU http://ipp.boku.ac.at/pz/uebungen/hg/qgen_1.htm, konsultiert am 16.11.2012.
- Jaccoud D, Peng K, Feinstein D, Kilian A (2001) Diversity arrays: a solid state technology for sequenz information independent genotyping. *Nucleic Acids Research* 29(4): 1-7.
- Jahnen W, Hahlbrock K (1988) Cellular localization of nonhost resistance reactions of parsley (*Petroselinum crispum*) to fungal infections. *Planta* 173: 197-204.
- Jlibene M, Gustafson JP, Rajaram S (1994) Inheritance of resistance to *Mycosphaerella graminicola* in hexaploid wheat. *Plant Breeding* 112: 301-310.
- Johnson AE, Nursten HE, Williams AA (1971) Vegetable volatiles: a survey of components identified: part II. *Chemistry and Industry* 23: 1212-1224.
- Johrde A (2010) Assoziationsstudie zur Resistenz gegen den echten Gerstenmehltau (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) in einer genetisch diversen Gerstenpopulation (*Hordeum vulgare* L.). Dissertation, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle (Saale), S. 13, 79-99.
- Jorde LB (2000) Linkage disequilibrium and the search for complex disease genes. *Genome Research* 10: 1435-1444.
- Jørgensen JH (1994) Genetics of Powdery Mildew Resistance in Barley. *Critical Reviews in Plant Sciences* 13(1): 97-119.
- Kappert H, Rudolf W (1962) *Handbuch der Pflanzenzüchtung*. Paul Parey, Berlin - Hamburg, S. 108-110.
- Kawalleck P (1991) Pathogenresistenz in Pflanzen-Identifizierung von Genen, deren Produkte an induzierten Abwehrreaktionen in Petersilie beteiligt sind. Dissertation, TU München, S. 120-121.
- Kim Y-H, Kim K-S, Hong C-K (1990) Volatile components of parsley leaf and seed. *Journal of the Korean Chemical Society* 33(1): 62-67.
- Kishimoto K, Matsui K, Ozawa R, Takabayashi J (2008) Direct fungicidal activities of C₆-aldehydes are important constituents for defense responses in *Arabidopsis* against *Botrytis cinerea*. *Phytochemistry* 69(11): 2127-2132.
- Kleijer G, Bronnimann A, Fossati A (1977) Chromosomal Location of A Dominant Gene for Resistance at Seedling Stage to *Septoria nodorum* Berk. in Wheat Variety 'Atlas-66'. *Zeitschrift für Pflanzenzüchtung - Journal of Plant Breeding* 78(2): 170-173.
- Klingowski M (1977) *Pflanzliche Virologie - Die Virose an landwirtschaftlichen Kulturen, Sonderkulturen und Sporenpflanzen in Europa*. Akademie Verlag, Berlin, S. 402-408.

- Knoop V, Müller K (2009) Gene und Stammbäume. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, S. 176, 193-197, 203-206.
- Kost C, Heil M (2006) Herbivore-induced plant volatiles induce an indirect defence in neighbouring plants. *Journal of Ecology* 94: 619-628.
- Köhler W, Schachtel G, Voleske P (2002) Biostatistik. Springer-Verlag, Berlin - Heidelberg, S. 51-66, 106-108, 110-112, 170-172.
- Krauthausen HJ (2001) *Septoria* leafspot on parsley. *Gemüse* 37(3): 31-33.
- Krauthausen HJ, Leinhos G (2007) Falschen Mehltau an Petersilie beachten! *Gemüse* 43(2): 27-29.
- Kremer BP (2003) Heilpflanzen. Kosmos Verlags-GmbH & Co, Stuttgart, S. 92.
- Kuhn H, Thiele BJ (1999) The diversity of the lipoxygenase family - Many sequence data but little information on biological significance. *Febs Letters* 449(1): 7-11.
- Kurt S (2003) First report of *Septoria* blight of parsley caused by *Septoria petroselini* in the Mediterranean Region of Turkey. *Plant Disease* 87(1): 99.
- Kurt S, Tok FM (2006) Influence of inoculum concentration, leaf age, temperature, and duration of leaf wetness on *Septoria* blight of parsley. *Crop Protection* 25(6): 556-561.
- Lange T (2007) Genetische Kartierung und molekulare Identifizierung von Genen für Speicherwurzelbildung in *Brassica napus* L. Dissertation, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, S. 91-92.
- Lewinsohn E, Gijzen M (2009) Phytochemical diversity: the sounds of silent metabolism. *Plant Science* 176: 161-169.
- Li G, Quiros CF (2001) Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica*. *Theoretical and Applied Genetics* 103: 455-461.
- Link K (2008) Nutzung genetischer Diversität in Raps (*Brassica napus*) für Assoziationsstudien zur Resistenz gegen die Wurzelhals- und Stängelfäule (*Leptosphaeria maculans*). Dissertation, Fachbereich Agrarwissenschaften, Ökotropologie und Umweltmanagement der Justus-Liebig-Universität Gießen Institut für Pflanzenbau & Pflanzenzüchtung I, S. 12.
- Lohwasser U, Struckmeyer T, Budahn H, Krüger H, Ulrich D, Börner A, Marthe F (2010a) The German parsley germplasm collection - Interaction of morphological, molecular and phytochemical characters. *Acta Horticulturae* 860: 235-240.
- Lohwasser U, Dittbrenner A, Budahn H, Marthe F, Börner A (2010b) Taxonomy of Plant Genetic Resources. Use of Morphological, Molecular and Phytochemical Data in Order to Verify Existing Classifications. *Agriculturae Conspectus Scientificus* 75(4): 175-178.
- Lopez PA, Widrechner MP, Simon PW, Rai S, Boylston TD, Isbell TA, Bailey TB, Gardner CA, Wilson LA (2008) Assessing phenotypic, biochemical, and molecular diversity in coriander (*Coriandrum sativum* L.) germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution* 55: 247-275.
- Maffei ME (2010) Sites of synthesis, biochemistry and functional role of plant volatiles. *South African Journal of Botany* 76: 612-631.
- Mandy G (1970) Pflanzenzüchtung - kurz und bündig. VEB Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin, S. 294-300.
- Marthe F, Scholze P (1996) A Screening Technique for Resistance Evaluation to *Septoria* blight (*Septoria petroselini*) in Parsley (*Petroselinum crispum*). In Pank F (ed.) Beiträge zur Züchtungsforschung 2(1). Proceedings - International Symposium: Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 30.06.-04.07.1996, Quedlinburg, pp. 250-253.

- Marthe F, Scholze P (1997) The *Septoria* leafspot disease of parsley. *Gemüse* 33(3): 169-170.
- Marthe F, Scholze P (2006) *Alternaria*-Blattflecken (*Alternaria radicina* Meier, Drechsler & Eddy) - eine bedeutende Erkrankung der Petersilie (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nym.). *Zeitschrift für Arznei- & Gewürzpflanzen* 11(3): 145-149.
- Marthe F, Krüger H (2007) Manifestation von Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattflecken (*Septoria petroselini*) an Petersilie (*Petroselinum crispum*) in verschiedenen Versuchsjahren und Beziehung zu Inhaltsstoffen. In Reichardt I, Hoppe B (SALUPLANTA e.V. Bernburg) (Hg.) Kurzfassung der Referate und Poster. 17. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzen Produktion, Bernburg, 20.-21.02.2007, S. 16-17.
- Marthe F, Bruchmüller T, Börner A, Lohwasser U (2012) Variability in parsley (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nyman) for reaction to *Septoria petroselini* Desm., *Plasmopara petroselini* Sävul. & O. Sävul. and *Erysiphe heraclei* DC. ex. Saint-Aman causing *Septoria* blight, downy mildew and powdery mildew. *Genetic Resources and Crop Evolution*: 16 pp. DOI 10.1007/s10722-012-9897-4.
- Marzell H (1977) Wörterbuch der deutschen Pflanzennamen. Franz Steiner Verlag, S. Hirzel Verlag, Wiesbaden - Stuttgart, S. 629-633.
- Masanetz C, Grosch W (1998) Key odorants of parsley leaves (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nym. ssp. *crispum*) by odour-activity values. *Flavour and Fragrance Journal* 13(2): 115-124.
- McCartney CA, Brule-Babel AL, Lamari L, Somers DJ (2003) Chromosomal location of a race-specific resistance gene to *Mycosphaerella graminicola* in the spring wheat ST6. *Theoretical and Applied Genetics* 107(7): 1181-1186.
- Meyer U, Blum H, Gärber U, Hommes M, Pude R, Gabler J (2010) Praxisleitfaden Krankheiten und Schädlinge im Arznei- und Gewürzpflanzenanbau. DPG Selbstverlag, Braunschweig, S. 104-126.
- Mielenz N, Schüler L (1999) Einführung in die quantitative Genetik - Lehrmaterialien zur Nutztiergenetik - Heft 4. Institut für Tierzucht und Tierhaltung mit Tierklinik, Professur für Nutztiergenetik, Halle (Saale), S. 22-23.
- Mielke H, Schöber-Butin B (2007) Mitteilungen aus der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft Berlin-Dahlem, Heil- und Gewürzpflanzen - Anbau und Verwendung. Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Berlin - Braunschweig, S. 57-63.
- Moll E, Flath K, Piepho HP (2000) Testing of crop cultivars for resistance to noxious organisms at the Federal Biological Research Centre, Part 3. Parey Buchverlag, Berlin, pp. 10-14.
- Mullis KB, Faloona FA (1987) Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods in Enzymology* 155: 335-350.
- Muminovic J, Melchinger AE, Lübberstedt T (2004) Prospects for celeriac (*Apium graveolens* var. *rapaceum*) improvement by using genetic resources of *Apium*, as determined by AFLP markers and morphological characterization. *Plant Genetic Resources* 2: 189-198.
- Myung K, Hamilton-Kemp TR, Archbold DD (2006) Biosynthesis of trans-2-hexenal in response to wounding in strawberry fruit. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 54(4): 54.
- N.N. (2003) Das Römische Reich - Map. National Geographic Maps für das National Geographic Magazin 1.
- N.N. (2010) Land- und Forstwirtschaft, Fischerei - Landwirtschaftliche Bodennutzung - Gemüseanbauflächen. Fachserie 3 Reihe 3.1.3. (Artikelnummer: 2030313107004) Statistisches Bundesamt, Wiesbaden, S. 2, 3, 4, 6, 7, 21.
- Nei M (1972) Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106(949): 283-292.

- Neumann K, Kobiljski B, Dencic S, Varshney RK, Börner A (2011) Genome-wide association mapping: a case study in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Molecular Breeding* 27(1): 37-58.
- Nothnagel T, Straka P (2005) Erfahrungen mit molekularen Markern in Umbelliferen. In Pank F (Hg.) Kurzfassung der Vorträge. GPZ-Tagung - AG 17 Arznei und Gewürzpflanzen im Institut für gartenbauliche Kulturen (BAZ): Züchtungsforschung an Arznei- und Gewürzpflanzen aus der Familie der Umbelliferen, 16.11.2005, Quedlinburg, S. 4.
- Olbricht K, Grafe C, Weiss K, Ulrich D (2008) Inheritance of aroma compounds in a model population of *Fragaria x ananassa* Duch. *Plant Breeding* 127: 87-93.
- Oraguzie N, Rikkerink EHA, Gardiner SE, De Silva HN (2007) Association Mapping in Plants. Springer Science+Business Media, LLC, New York, pp. 2, 6, 7.
- Padovan A, Keszei A, Köllner TG, Degenhardt J, Foley WJ (2010) The molecular basis of host plant selection in *Melaleuca quinquenervia* by a successful biological control agent. *Phytochemistry* 71: 1237-1244.
- Paula JAM, Ferri PH, Bara MTF, Tresvenzol LMF, Sà FAS, Paula JR (2012) Intraspecific chemical variability in the essential oils of *Pimenta pseudocaryophyllus* (Gomes) L.R. Landrum (Myrtaceae). *Biochemical Systematics and Ecology* 39: 643-650.
- Peñuelas J, Llusià J (2001) The Complexity of Factors Driving Volatile Organic Compound Emissions by Plants. *Biologia Plantarum* 44(4): 481-487.
- Pfeufer A (2006) Genomweite Assoziationsstudien: Durchbruch methodischer und technologischer Innovationen. *GenomXPress - Informationen aus der deutschen Forschung* 03: 6-9.
- Porebski S, Bailey LG, Baum BR (1997) Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant Molecular Biology Reporter* 15(1): 8-15.
- Porta H, Rocha-Sosa M (2002) Plant lipoxygenases. Physiological and molecular features. *Plant Physiology* 130(1): 15-21.
- Pritchard JK, Rosenberg NA (1999) Use of Unlinked Genetic Markers to Detect Population Stratification in Association Studies. *The American Journal of Human Genetics* 65: 220-228.
- Pritchard JK, Stephens M, Rosenberg NA, Donnelly P (2000) Association Mapping in Structured Populations. *The American Journal of Human Genetics* 67: 170-181.
- Quiros CF, Douches D, D'Antonio V (1987) Inheritance of annual habit in celery: cosegregation with isoenzyme anthocyanin markers. *Theoretical and Applied Genetics* 74: 203-208.
- Quiros CF (1993) Celery, *Apium graveolens* L. In Genetic Improvement of Vegetable Crops (eds. Kalloo G, Berg BO) pp. 523-534 (Pergamon Press, Oxford - New York - Seoul - Tokyo).
- Rafalski A (2002) Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics. *Current Opinion in Plant Biology* 5(2): 94-100.
- Rode J (2009) Züchtung von Industrieroggen zur Bioethanolgewinnung. Dissertation, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle (Saale), S. 105.
- Rothschild MF (2010) Large-Scale Association Analyses of Candidate Genes for Feed Efficiency Traits in Pig. Research Report - Animal Science - Pork Checkoff. (NPB #08-011). Iowa State University, pp. 1-8.
- Ruther J, Furstenau B (2005) Emission of herbivore-induced volatiles in absence of a herbivore - Response of *Zea mays* to green leaf volatiles and terpenoids. *Zeitschrift für Naturforschung C-A Journal of Biosciences* 60(9-10): 743-756.

- Sakr N (2010) A plant mixture model against *Plasmopara halstedii* (sunflower downy mildew). *Journal of Plant Protection Research* 50(2): 126-129.
- Săvulescu T, Săvulescu O (1951) Morphological, biological, and systematic studies on the genera *Sclerospora*, *Basidiophora*, *Plasmopara*, and *Peronoplasmopara* (Studiul morfologic, biologic și sistematic al genurilor *Sclerospora*, *Basidiophora*, *Plasmopara* și *Peronoplasmopara*), pp 327–457.
- Schilcher H, Kammerer S (2003) *Leitfaden Phytotherapie*. Urban & Fischer Verlag, München - Jena, S. 180.
- Schubert R, Wagner G (2000) *Botanisches Wörterbuch*. Wilhelm Fink Verlag, München, S. 98, 189, 416, 499, 564.
- Schuemer R, Ströhlein G, Gogolok J (1990) *Datenverarbeitung und statistische Auswertung mit SAS; Bd. 2*. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart - New York, S. 47-57.
- Schwab W (2003) Metabolome diversity: too few genes, too many metabolites? *Phytochemistry* 62: 837-849.
- Schwab W (2008) Biosynthesis of plant-derived flavor compounds. *The Plant Journal* 54: 712-732.
- Sekine T, Sugano M, Majid A, Fujii Y (2007) Antifungal effects of volatile compounds from black zira (*Bunium persicum*) and other spices and herbs. *Journal of Chemical Ecology* 33: 2123-2132.
- Seyffert W (2003) *Lehrbuch der Genetik*. Spektrum Akademischer Verlag GmbH, Heidelberg - Berlin, S. 451, 467, 1127-1129.
- Shapiro SS, Wilk MB (1965) An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). *Biometrika* 53(3/4): 591-611.
- Shim SI, Jørgensen RB (2000) Genetic structure in cultivated and wild carrots (*Daucus carota* L.) revealed by AFLP analysis. *Theoretical and Applied Genetics* 101(1-2): 227-233.
- Siedow JN (1991) Plant Lipoxygenase - Structure and Function. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology* 42: 145-188.
- Simon MR, Cordo CA (1998) Diallel analysis of four resistance components to *Septoria tritici* in six crosses of wheat (*Triticum aestivum*). *Plant Breeding* 117(2): 123-126.
- Simon MR, Ayala FM, Cordo CA, Röder MS, Börner A (2004) Molecular mapping of quantitative trait loci determining resistance to *septoria tritici* blotch caused by *Mycosphaerella graminicola* in wheat. *Euphytica* 138: 41-48.
- Simon MR, Khlestkina EK, Castillo NS, Börner A (2010) Mapping quantitative resistance to *septoria tritici* blotch in spelt wheat. *European Journal of Plant Pathology* 128: 317-324.
- Slusarenko AJ (1996) The Role of Lipoxygenase in Plant Resistance to Infection. In *Lipoxygenase and Lipoxygenase Pathway Enzymes* (ed. Piazza GJ) pp. 176-196 (AOSC Press, Champaign).
- Snowdon RJ, Winter H, Diestel A, Sacristan MD (2000) Development and characterisation of *Brassica napus*-*Sinapis arvensis* addition lines exhibiting resistance to *Leptosphaeria maculans*. *Theoretical and Applied Genetics* 101(7): 1008-1014.
- Snowdon RJ, Friedt W (2004) Molecular markers in *Brassica* oilseed breeding: current status and future possibilities. *Plant Breeding* 123(1): 1-8.
- Somasco OA, Qualset CO, Gilchrist DG (1996) Single-gene resistance to *Septoria tritici* blotch in the spring wheat cultivar 'Tadinia'. *Plant Breeding* 115(4): 261-267.

- Song J, Rujida L, Weimin D, Beaudry RM (1996) Hexanal vapor is a natural, metabolizable fungicide: inhibition of fungal activity and enhancement of aroma biosynthesis in apple slices. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 121(5): 121.
- Soylu S, Soylu EM, Kurt S (2010) Downy mildew outbreak on parsley caused by *Plasmopara petroselini* in Turkey. *Plant Pathology* 59(4): 799.
- Spaar D, Kleinhempel H, Fritzsche R (1985) Diagnose von Krankheiten und Beschädigungen an Kulturpflanzen, Gemüse. VEB Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin, S. 336.
- Steglich W, Fugmann B, Lang-Fugmann S (1997) Römpp - Lexikon Naturstoffe. Thieme Verlag, Stuttgart, S. 330, 391, 393, 581, 613-615, 637-8.
- Struckmeyer T, Marthe F (2008) Züchterische Nutzung von Resistenz gegen den Erreger der Septoria-Blattflecken (*Septoria petroselini*) an Petersilie (*Petroselinum crispum*). In JKI (Hg.) Mitteilungen aus dem Julius Kühn-Institut. 1. Nachwuchswissenschaftler-Forum des Julius Kühn-Instituts, 24.-26.11.2008, Quedlinburg, S. 23-24.
- Sumpf D, Moll E (2004) Einführung in die Biometrie - Teil 2, Schätzen eines Parameters und Vergleich von bis zu zwei Parametern. Saphir-Verlag, Ribbesbüttel, S. 99, 100, 128.
- Tanksley SD, Ganai MW, Prince JP, Devicente MC, Bonierbale MW, Broun P, Fulton TM, Giovannoni JJ, Grandillo S, Martin GB, Messeguer R, Miller JC, Miller L, Paterson AH, Pineda O, Roder MS, Wing RA, Wu W, Young ND (1992) High-Density Molecular Linkage Maps of the Tomato and Potato Genomes. *Genetics* 132(4): 1141-1160.
- Tourvieille de Labrouhe D, Serre F, Walser P, Roche S, Vear F (2008) Quantitative resistance to downy mildew (*Plasmopara halstedii*) in sunflower (*Helianthus annuus*). *Euphytica* 164: 433-444.
- Tourvieille de Labrouhe D, Bordat D, Tourvieille J, Mestries E, Walser P, Sakr N, Ducher M, Delmotte F, Vear F (2010) Impact of major gene resistance management for sunflower on fitness of *Plasmopara halstedii* (downy mildew) populations. *OCL - Oleagineux Corps Gras Lipides* 17: 56-64.
- Ulrich D, Budahn H, Struckmeyer T, Marthe F, Krüger H, Lohwasser U (2008) Diversity of volatile patterns in a gene bank collection of parsley (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nyman). In Blank I, Wüst M, Yeretian C (eds.) Proceedings of the 12th Weurman Symposium: Expression of Multi-disciplinary Flavour Science, 01.-04.07.2008, Interlaken (Switzerland), pp. 383-386.
- Ulrich D, Bruchmüller T, Krüger H, Marthe F (2011) Sensory Characteristics and Volatile Profiles of Parsley (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nym.) in Correlation to Resistance Properties against *Septoria* Blight (*Septoria petroselini*). *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 59(19): 10651-10656.
- UNI-GRAZ (2002) http://www.uni-graz.at/~katzer/germ/Petr_cri.html, konsultiert am 16.11.2012.
- van Niekerk L (2005) Petersilienzüchtung: Ziele und praktische Erfahrungen. In Pank F (Hg.) Kurzfassung der Vorträge. Tagung der GPZ - AG 17 Arznei und Gewürzpflanzen im Institut für gartenbauliche Kulturen (BAZ), 16.11.2005, Quedlinburg: Züchtungsforschung an Arznei- und Gewürzpflanzen aus der Familie der Umbelliferen, S. 11.
- Vavilov NI (1922) The law of homologous series in variation. *Genetics* 12: 47-89.
- Vear F, Serre F, Jouan-Dufournel I, Bert PF, Roche S, Walser P, Tourvieille de Labrouhe D, Vincourt P (2008) Inheritance of quantitative resistance to downy mildew (*Plasmopara halstedii*) in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Euphytica* 164: 561-570.
- Vick BC, Zimmermann DC (1987) Oxidative Systems for Modification of Fatty Acids: The Lipoxigenase Pathway. In *The Biochemistry of Plants* (ed. Stumpf PK) pp. 53-90 (Academic Press, Orlando).
- von Linné C (1753) *Species Plantarum*. Holmiae.

- von Rudloff E (1984) Inheritance of leaf oil terpene patterns in selfed Progeny and some crosses of coastal Douglas-fir. *Silvae Genetica* 33(6): 198-203.
- Vos P, Hogers R, Bleeker M, Reijans M, van de Lee T, Hornes M, Frijters A, Pot J, Peleman J, Kuiper M, Zabeau M (1995) AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research* 23(21): 4407-4414.
- Warncke D (1993) Untersuchungen über die Zusammensetzung der ätherischen Öle von *Petroselinum crispum* (MILL.) A. W. HILL und *Petroselinum segetum* (L.) KOCH. Dissertation, Fakultät für Biologie der Julius-Maximilians Universität Würzburg, S. 14, 16, 36.
- Williams JGK, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV (1990) DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18(22): 6531-6535.
- Wilson RE (1979) Resistance to *Septoria tritici* in two wheat cultivars, determined by independent, single dominant genes. *Australasian Plant Pathology* 8(2): 16-18.
- Wink M (2008) Evolution of Secondary Plant Metabolism. In *Encyclopedia of Life Sciences (eLS)* (eds. Hetherington AM, Melino G, Finazzi-Agrò A) pp. 1-12 (John Wiley & Sons, Hoboken [New Jersey]).
- Wurzer W (1994) Die große Enzyklopädie der Heilpflanzen. Neuer Kaiser Verlag GmbH, Klagenfurt, S. 32-630.
- Yang XF, Quiros CF (1995) Construction of a genetic-linkage map in celery using DNA-based markers. *Genome* 38(1): 36-44.
- Zhao J, Artemyeva A, Del Carpio DP, Basnet RK, Zhang N, Gao J, Li F, Bucher J, Wang X, Visser RGF, Bonnema G (2010) Design of a *Brassica rapa* core collection for association mapping studies. *Genome* 53: 884-898.

7 Anhang

Verzeichnis zu Abbildungen und Tabellen

Abbildungen

Abbildung 7.1: 181 Marker über alle 219 Akzessionen des Versuchs VPc07/31 (Weltsortiment-Petersilie) in Korrelation zueinander, mit p-Werten	140
Legende zu Abb. 7.1 und 7.2: Aufschlüsselung der molekularen Marker zur Nummernfolge in den Abbildungen 7.1 und 7.2.....	141
Abbildung 7.2: 181 Marker über die 132 Akzessionen der Petersilien-Untergruppe Q1 des Versuchs VPc07/31 in Korrelation zueinander, mit p-Werten	142
Abbildung 7.3: 169 Marker über die 87 Akzessionen der Petersilien-Untergruppe Q 2 des Versuchs VPc07/31 in Korrelation zueinander, mit p-Werten	143
Legende zu Abb. 7.3: Aufschlüsselung der molekularen Marker zur Nummernfolge in Abbildung 7.3.....	144
Abbildung 7.4: 41 signifikante Marker Kandidaten in Korrelation zueinander aus MTA-Studie zu Versuch VPc07/31, mit p-Werten.....	145
Legende zu Abb. 7.4: Aufschlüsselung der molekularen Marker zur Nummernfolge in Abbildung 7.4.....	146

Tabellen

Tabelle 7.1: Akzessionen im Versuch VPc07/31 mit Angaben zu infraspezifischen Taxa, Herkünften, Wirt-Parasit-Interaktionen, Morphologie und Einordnung in methodisch sowie analytisch unterschiedliche Cluster, aufsteigend sortiert nach QLB'er Anbau-Nr. VPc07/31/... bzw. Q-Nr. (1-6)	147
Legende zu Tab. 7.1 und 7.5: Erklärungen für die Abkürzungen der Spaltenbezeichnungen und Spalten zu den Tabellen 7.1 und 7.5.....	153
Tabelle 7.2: Gehalte aller 132 erhobenen VOCs und des „internen Standards“ (IST) für die Akzessionen im Weltsortiment-Petersilie (1-30)	154
Legende zu Tab. 7.2: Erklärungen zu den Spalten und Zeilenbenennungen in Tabelle 7.2.....	182
Tabelle 7.3: Korrelationskoeffizienten (r_s) von Gehalten 42 ausgewählter VOCs zu bedeutenden Merkmalen im Versuch VPc07/31, aufsteigend geordnet nach Korrelation zu molekularen Distanzclustern.....	183
Tabelle 7.4: Übersicht der 20 für die genetische Distanzanalyse zu Versuch VPc07/31 verwendeten Sellerie-Akzessionen.....	184
Tabelle 7.5: Akzessionen im Versuch VPc07/31 mit Angaben zu infraspezifischen Taxa, Herkünften, Wirt-Parasit-Interaktionen, Morphologie und Einordnung in methodisch sowie analytisch unterschiedliche Cluster, aufsteigend sortiert nach Rang in Abbildung 3.4 (1-6)	185
Tabelle 7.6: Petersilien-Akzessionen des Versuchs VPc07/31 mit höchstens 80 % Wahrscheinlichkeit für die jeweils zugeordnete Untergruppe, basierend auf Kalkulationen mit der Software structure.....	191

Tabelle 7.7:	Molekulare Marker mit Primerbezeichnungen beziehungsweise selektiver Sequenz und Fragmentgrößen in bp aus VPc07/31, nach Methodik sortiert.....	192
Tabelle 7.8:	Eins/Null-Matrix der analysierten Petersilien- und Sellerie-Akzessionen mit molekularen Markern im Versuch VPc07/31 (1-35)	193
Legende zu Tab. 7.8:	Erläuterungen zu den Nummerierungen für die Spalten- und Zeilenbezeichnungen der Prüfglieder bzw. molekularen Marker sowie zur Bandenauswertung	224
Tabelle 7.9:	Aufgrund von Sonderstellungen in methodisch und analytisch unterschiedlichen Clustern sowie Wirt-Parasit-Interaktionen bedeutender Pathogene ausgewählte Akzessionen mit ergänzenden Informationen zu Versuch VPc07/31	225
Legende zu Tab. 7.9:	Erklärungen der Abkürzungen und Nummerierung für die Spaltenbenennungen in Tabelle 7.9.....	226
Tabelle 7.10:	Genetische Distanzen exponierter Akzessionen im Dendrogramm aus Abbildung 3.4 zu ausgewählten Gruppen von Genotypen.....	227
Tabelle 7.11:	Relative EP-Häufigkeiten der F ₂ -Familien, Eltern und Standards nach <i>S. petroselinii</i> -Befall im Klimakammerresistenztest 10/4 mit geprüfter EP-Anzahl.....	228
Tabelle 7.12:	Gehalte 11 ausgewählter VOCs und des „internen Standards“ (IST) im Versuch VPc08/301 nach Prüfgliedern	229
Tabelle 7.13:	Gehalte 11 ausgewählter VOCs und des „internen Standards“ (IST) im Versuch VPc09/311 nach Prüfgliedern	230
Tabelle 7.14:	Anbauplan (Anordnung der QLBer-Prüfgliednummern auf dem Feld) des Versuches VPc07/31, an beiden Standorten (QLB und GAT) identisch	231

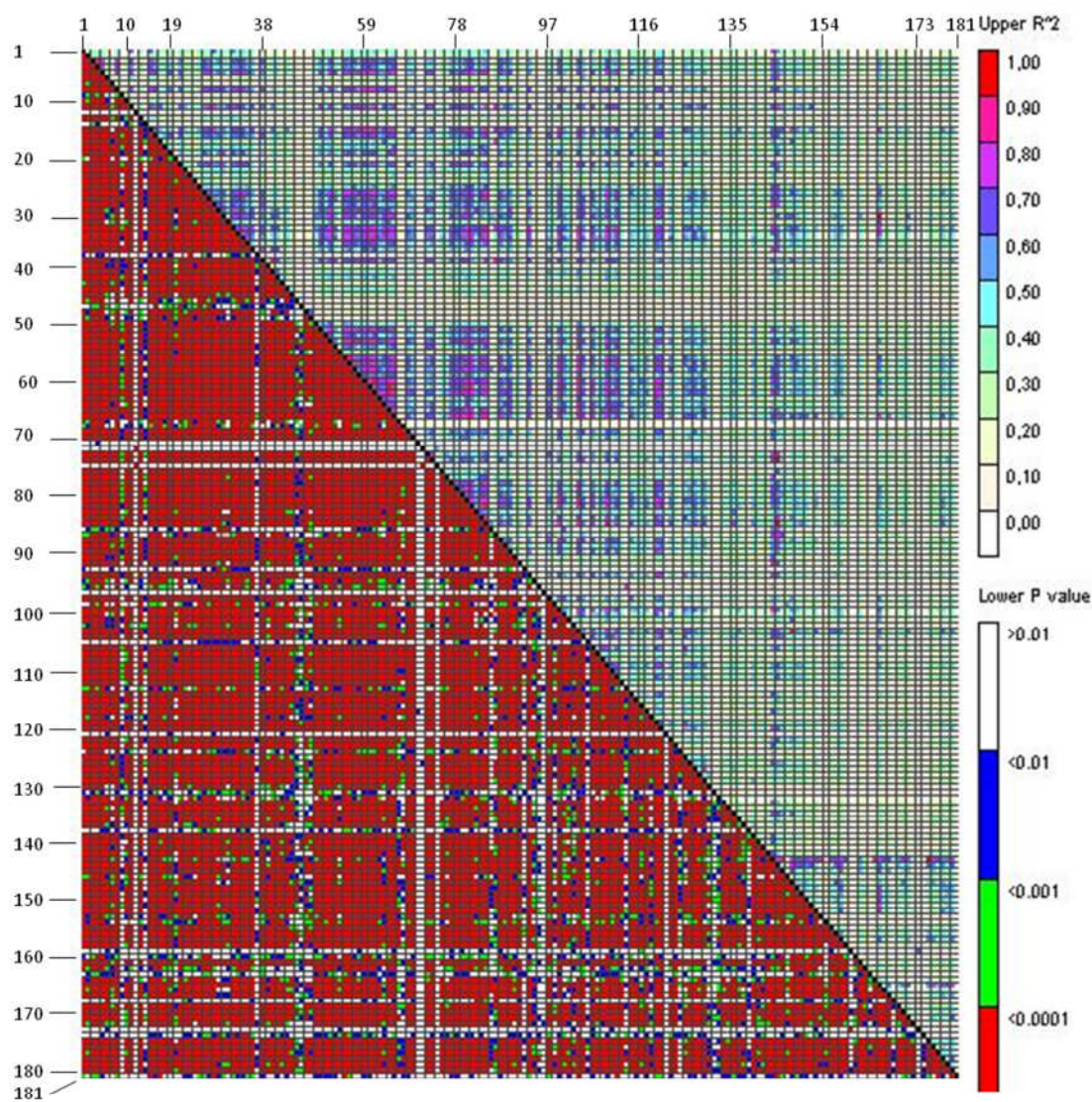


Abb. 7.1: 181 Marker über alle 219 Akzessionen des Versuchs VPc07/31 (Weltsortiment-Petersilie) in Korrelation zueinander, mit p-Werten (siehe Legende zu Abb. 7.1 und 7.2)

Legende zu Abb. 7.1 und 7.2: Aufschlüsselung der molekularen Marker zur Nummernfolge in den Abbildungen 7.1 und 7.2

Molekulare Marker-Nr.	Molekulare Marker - Bezeichnung mit Fragmentgröße in bp	Molekulare Marker-Nr.	Molekulare Marker - Bezeichnung mit Fragmentgröße in bp	Molekulare Marker-Nr.	Molekulare Marker - Bezeichnung mit Fragmentgröße in bp
1	OPA02-810	67	OPA13+14-750	133	me2+em18-671
2	OPA03-413	68	OPA13+14-1010	134	me2+em18-737
3	OPA03-578	69	OPA15+16-190	135	me2+em18-815
4	OPA03-590	70	OPA15+16-361	136	me3+em1-485
5	OPA03-675	71	OPA15+16-450	137	me3+em1-642
6	OPA03-700	72	OPA15+16-1040	138	me3+em1-1050
7	OPA03-760	73	OPA15+16-1320	139	me3+em7-460
8	OPA03-773	74	OPA17+18-274	140	me3+em7-485
9	OPA03-870	75	OPA17+18-379	141	me3+em7-645
10	OPA03-898	76	OPA17+18-390	142	EATT/MCAT-207
11	OPA03-1300	77	OPA17+18-449	143	EATT/MCAT-239
12	OPA07-316	78	OPA17+18-568	144	EATT/MCAT-266
13	OPA07-350	79	OPA17+18-602	145	EATT/MCAT-299
14	OPA07-545	80	OPA17+18-644	146	EATT/MCAT-303
15	OPA07-810	81	OPA17+18-655	147	EATT/MCCC-178
16	OPB01-715	82	OPA17+18-677	148	EATT/MCCC-192
17	OPB01-790	83	OPA17+18-702	149	EATT/MCCC-204
18	OPB01-1025	84	OPA17+18-780	150	EATT/MCCC-206
19	OPB01-1850	85	OPA17+18-840	151	EATT/MCCC-241
20	OPB04-489	86	OPA17+18-855	152	EATT/MCCC-300
21	OPB04-614	87	OPA19+20-798	153	EATT/MCCC-60
22	OPB04-1800	88	OPA19+20-895	154	EATT/MCCC-73
23	OPA01+02-268	89	me1+em2-362	155	EATT/MCCC-109
24	OPA01+02-290	90	me1+em2-402	156	EATT/MCCC-177
25	OPA01+02-397	91	me1+em2-423	157	EATT/MCCC-183
26	OPA01+02-464	92	me1+em2-595	158	EATT/MCCG-127
27	OPA01+02-521	93	me1+em2-859	159	EATT/MCCG-156
28	OPA01+02-820	94	me1+em3-264	160	EATT/MCCG-169
29	OPA03+04-130	95	me1+em3-274	161	EATT/MCCG-239
30	OPA03+04-138	96	me1+em3-280	162	EATT/MCCG-245
31	OPA03+04-210	97	me1+em3-285	163	EATT/MCCG-248
32	OPA03+04-265	98	me1+em3-295	164	EATT/MCCG-263
33	OPA03+04-281	99	me1+em3-356	165	EATT/MCCT-84
34	OPA03+04-560	100	me1+em3-435	166	EATT/MCCT-86
35	OPA03+04-710	101	me1+em3-920	167	EATT/MCCT-107
36	OPA05+06-182	102	me1+em3-930	168	EATT/MCCT-108
37	OPA05+06-242	103	me1+em3-1300	169	EATT/MCCT-138
38	OPA05+06-248	104	me1+em4-494	170	EATT/MCCT-147
39	OPA05+06-342	105	me1+em4-619	171	EATT/MCCT-151
40	OPA05+06-355	106	me1+em4-628	172	EATT/MCCG-58
41	OPA05+06-446	107	me1+em4-773	173	EATT/MCCG-145
42	OPA05+06-447	108	me1+em4-1160	174	EATT/MCCG-212
43	OPA07+08-191	109	me1+em5-283	175	EATT/MCCG-258
44	OPA07+08-230	110	me1+em5-287	176	EAAT/MCCT-74
45	OPA07+08-244	111	me1+em5-472	177	EAAT/MCCT-94
46	OPA07+08-254	112	me1+em5-552	178	EAAT/MCCT-97
47	OPA09+10-156	113	me1+em6-281	179	EAAT/MCCT-100
48	OPA09+10-157	114	me1+em6-293	180	EAAT/MCCT-104
49	OPA09+10-297	115	me1+em6-361	181	EAAT/MCCT-190
50	OPA09+10-450	116	me1+em6-437		
51	OPA09+10-605	117	me1+em6-496		
52	OPA09+10-622	118	me1+em6-563		
53	OPA09+10-715	119	me1+em6-773		
54	OPA09+10-731	120	me1+em6-805		
55	OPA09+10-815	121	me1+em15-355		
56	OPA09+10-905	122	me1+em15-465		
57	OPA09+10-1080	123	me1+em15-566		
58	OPA11+12-444	124	me1+em15-895		
59	OPA11+12-581	125	me1+em17-237		
60	OPA11+12-635	126	me1+em17-310		
61	OPA11+12-650	127	me1+em17-538		
62	OPA11+12-880	128	me1+em17-910		
63	OPA11+12-960	129	me2+em17-540		
64	OPA11+12-1160	130	me2+em17-905		
65	OPA13+14-500	131	me2+em18-446		
66	OPA13+14-700	132	me2+em18-647		

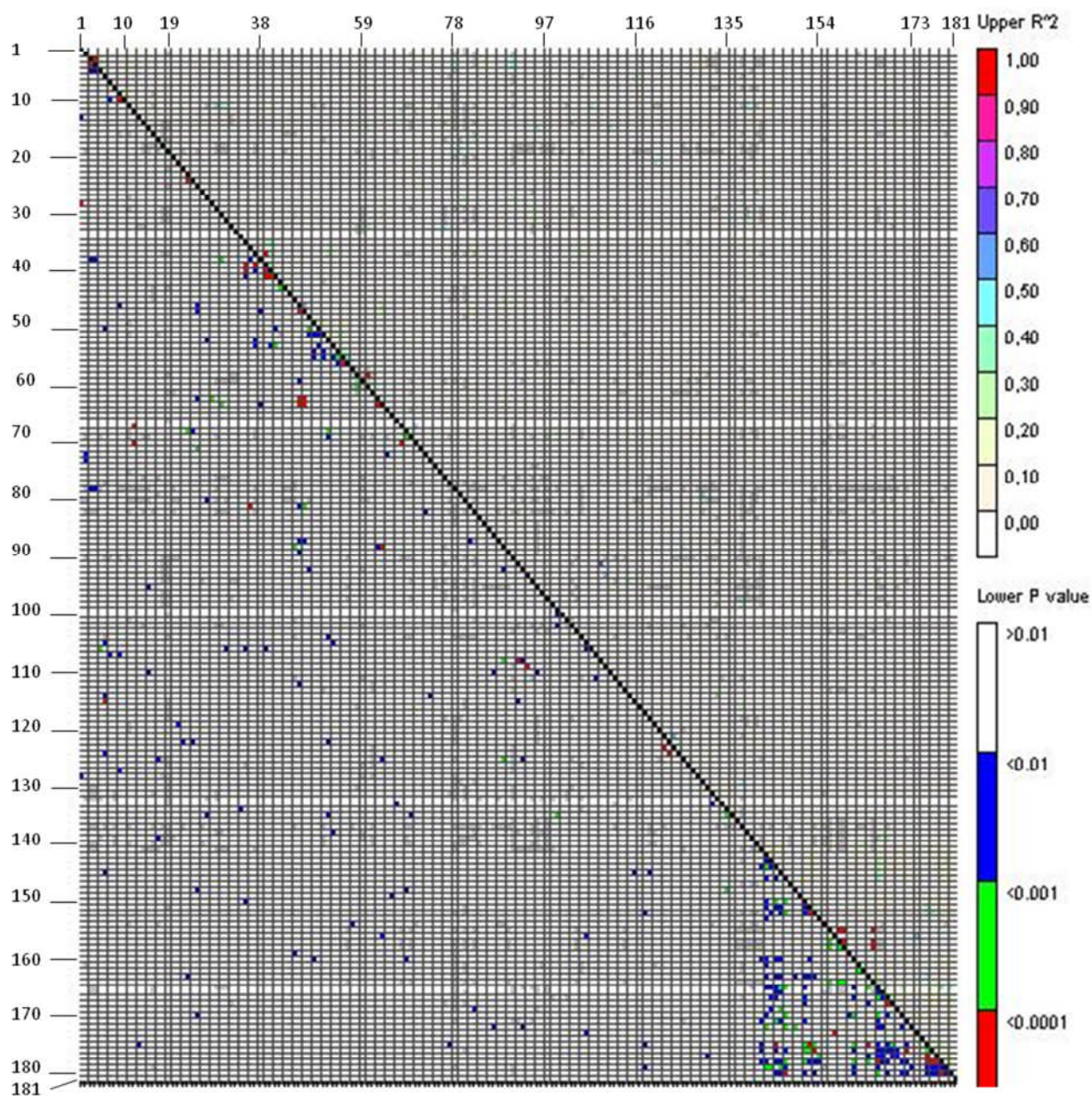


Abb. 7.2: 181 Marker über die 132 Akzessionen der Petersilien-Untergruppe Q1 des Versuchs VPc07/31 in Korrelation zueinander, mit p-Werten (siehe Legende zu Abb. 7.1 und 7.2)

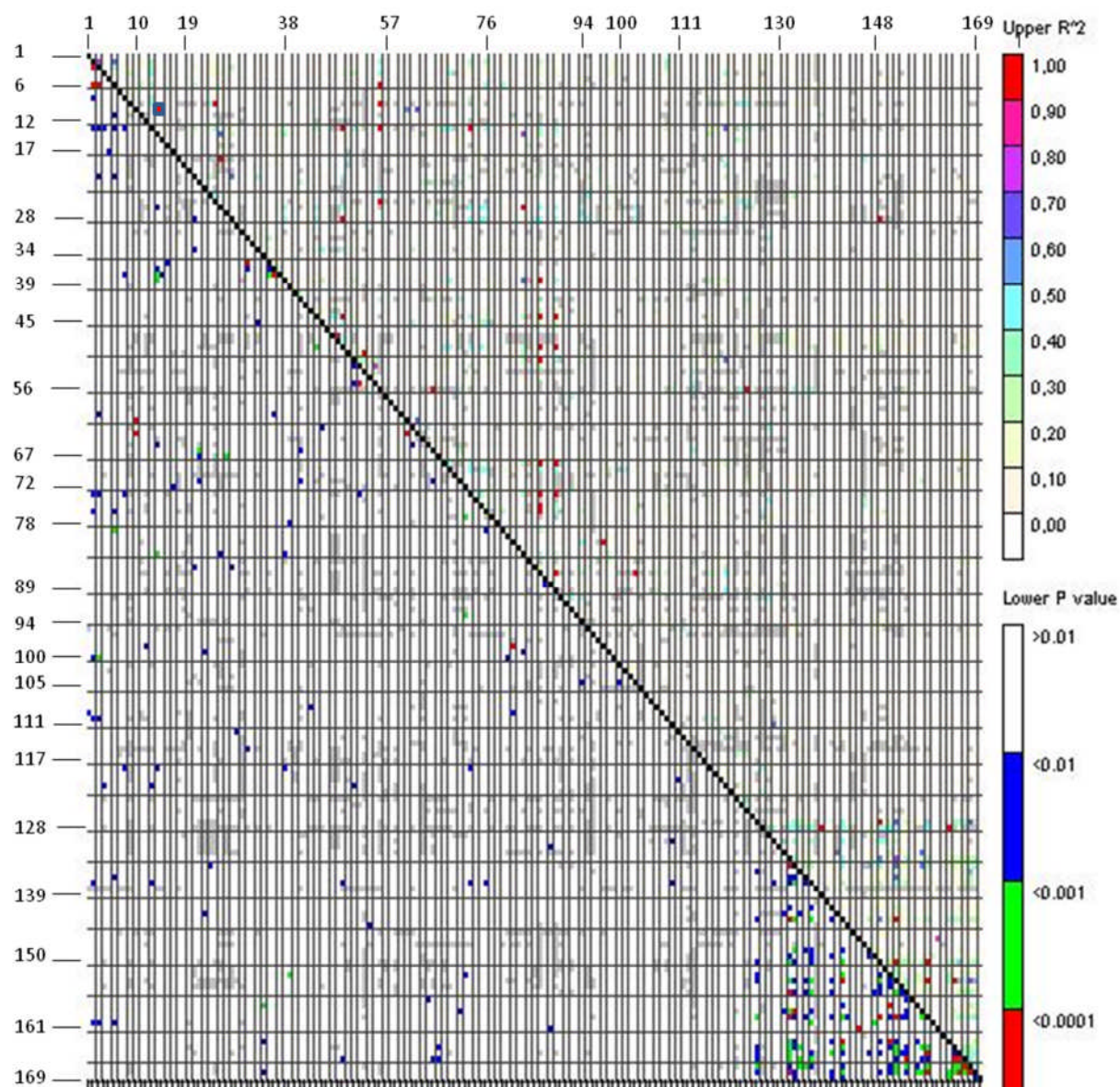


Abb. 7.3: 169 Marker über die 87 Akzessionen der Petersilien-Untergruppe Q 2 des Versuchs VPc07/31 in Korrelation zueinander, mit p-Werten (siehe Legende zu Abb. 7.3)

Legende zu Abb. 7.3: Aufschlüsselung der molekularen Marker zur Nummernfolge in
Abbildung 7.3

Molekulare Marker-Nr.	Molekulare Marker - Bezeichnung mit Fragmentgröße in bp	Molekulare Marker-Nr.	Molekulare Marker - Bezeichnung mit Fragmentgröße in bp	Molekulare Marker-Nr.	Molekulare Marker - Bezeichnung mit Fragmentgröße in bp
1	OPA03-413	58	OPA13+14-750	114	me2+em17-540
2	OPA03-578	59	OPA15+16-190	115	me2+em17-905
3	OPA03-590	60	OPA15+16-361	116	me2+em18-446
4	OPA03-675	61	OPA15+16-450	117	me2+em18-647
5	OPA03-700	62	OPA15+16-1040	118	me2+em18-671
6	OPA03-760	63	OPA17+18-274	119	me2+em18-737
7	OPA03-773	64	OPA17+18-379	120	me2+em18-815
8	OPA03-870	65	OPA17+18-390	121	me3+em1-485
9	OPA03-898	66	OPA17+18-449	122	me3+em1-642
10	OPA07-316	67	OPA17+18-568	123	me3+em1-1050
11	OPA07-350	68	OPA17+18-602	124	me3+em7-460
12	OPA07-545	69	OPA17+18-644	125	me3+em7-485
13	OPA07-810	70	OPA17+18-655	126	me3+em7-645
14	OPB01-715	71	OPA17+18-677	127	EATT/MCAT-207
15	OPB01-790	72	OPA17+18-702	128	EATT/MCAT-239
16	OPB01-1025	73	OPA19+20-798	129	EATT/MCAT-266
17	OPB04-489	74	OPA19+20-895	130	EATT/MCAT-299
18	OPB04-614	75	me1+em2-362	131	EATT/MCAT-303
19	OPB04-1800	76	me1+em2-402	132	EATT/MCCC-178
20	OPA01+02-268	77	me1+em2-423	133	EATT/MCCC-192
21	OPA01+02-290	78	me1+em2-595	134	EATT/MCCC-204
22	OPA01+02-397	79	me1+em2-859	135	EATT/MCCC-206
23	OPA01+02-464	80	me1+em3-264	136	EATT/MCCC-241
24	OPA01+02-521	81	me1+em3-274	137	EATT/MCCC-300
25	OPA01+02-820	82	me1+em3-280	138	EATT/MCCC-57
26	OPA03+04-130	83	me1+em3-285	139	EATT/MCCC-60
27	OPA03+04-138	84	me1+em3-295	140	EATT/MCCC-73
28	OPA03+04-210	85	me1+em3-356	141	EATT/MCCC-109
29	OPA03+04-265	86	me1+em3-435	142	EATT/MCCC-177
30	OPA03+04-281	87	me1+em3-920	143	EATT/MCCC-183
31	OPA05+06-182	88	me1+em3-930	144	EATT/MCCG-127
32	OPA05+06-242	89	me1+em3-1300	145	EATT/MCCG-134
33	OPA05+06-248	90	me1+em4-494	146	EATT/MCCG-156
34	OPA05+06-342	91	me1+em4-619	147	EATT/MCCG-157
35	OPA05+06-355	92	me1+em4-628	148	EATT/MCCG-169
36	OPA05+06-446	93	me1+em4-773	149	EATT/MCCG-239
37	OPA05+06-447	94	me1+em4-1160	150	EATT/MCCG-245
38	OPA07+08-191	95	me1+em5-283	151	EATT/MCCG-248
39	OPA07+08-230	96	me1+em5-287	152	EATT/MCCG-263
40	OPA07+08-244	97	me1+em5-472	153	EATT/MCCT-84
41	OPA07+08-254	98	me1+em6-281	154	EATT/MCCT-86
42	OPA09+10-156	99	me1+em6-293	155	EATT/MCCT-107
43	OPA09+10-157	100	me1+em6-361	156	EATT/MCCT-108
44	OPA09+10-297	101	me1+em6-437	157	EATT/MCCT-138
45	OPA09+10-450	102	me1+em6-496	158	EATT/MCCT-147
46	OPA09+10-605	103	me1+em6-563	159	EATT/MCCT-151
47	OPA09+10-622	104	me1+em6-773	160	EATT/MCCG-58
48	OPA09+10-715	105	me1+em6-805	161	EATT/MCCG-145
49	OPA09+10-731	106	me1+em15-355	162	EATT/MCCG-212
50	OPA11+12-444	107	me1+em15-465	163	EATT/MCCG-258
51	OPA11+12-581	108	me1+em15-566	164	EAAT/MCCT-74
52	OPA11+12-635	109	me1+em15-895	165	EAAT/MCCT-94
53	OPA11+12-650	110	me1+em17-237	166	EAAT/MCCT-97
54	OPA11+12-880	111	me1+em17-310	167	EAAT/MCCT-100
55	OPA11+12-960	112	me1+em17-538	168	EAAT/MCCT-104
56	OPA13+14-500	113	me1+em17-910	169	EAAT/MCCT-190
57	OPA13+14-700				

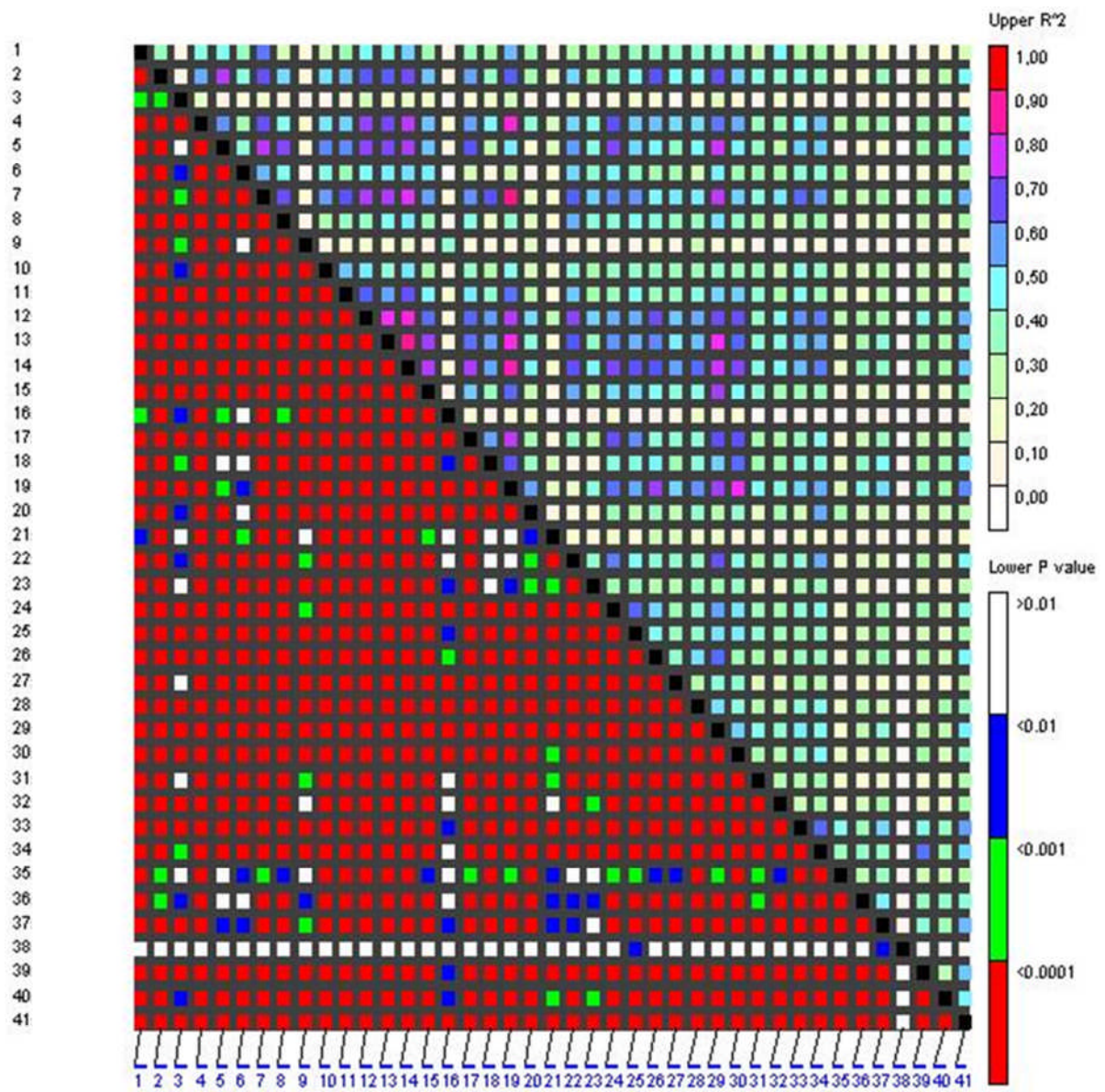


Abb. 7.4: 41 signifikante Markerandidaten in Korrelation zueinander aus MTA-Studie zu Versuch VPc07/31, mit p-Werten (siehe Legende zu Abb. 7.4)

Legende zu Abb. 7.4: Aufschlüsselung der molekularen Marker zur Nummernfolge in
Abbildung 7.4

Molekulare Markerkandidaten - Nr.	Molekulare Markerkandidaten - Bezeichnung mit Fragmentgröße in bp
1	OPA02-810
2	OPB01-1850
3	OPB04-489
4	OPA01+02-521
5	OPA03+04-138
6	OPA03+04-210
7	OPA03+04-265
8	OPA05+06-355
9	OPA09+10-156
10	OPA09+10-297
11	OPA09+10-605
12	OPA09+10-1080
13	OPA11+12-635
14	OPA11+12-650
15	OPA11+12-880
16	OPA13+14-750
17	OPA13+14-1010
18	OPA17+18-677
19	OPA17+18-780
20	me1+em2-423
21	me1+em3-264
22	me1+em3-435
23	me1+em3-920
24	me1+em4-494
25	me1+em5-287
26	me1+em6-293
27	me1+em6-361
28	me1+em6-496
29	me1+em6-773
30	me1+em17-538
31	me2+em18-671
32	me2+em18-737
33	EATT/MCCC-192
34	EATT/MCCC-183
35	EATT/MCCG-245
36	EATT/MCCT-86
37	EATT/MCCT-107
38	EATT/MCCG-145
39	EAAT/MCCT-74
40	EAAT/MCCT-94
41	EAAT/MCCT-97

Tab. 7.1: Akzessionen im Versuch VPc07/31 mit Angaben zu infraspezifischen Taxa, Herkünften, Wirt-Parasit-Interaktionen, Morphologie und Einordnung in methodisch sowie analytisch unterschiedliche Cluster, aufsteigend sortiert nach QLB'er Anbau-Nr. VPc07/31/... bzw. Q-Nr. (1/6) (siehe Legende zu Tab. 7.1+7.5)

Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	223	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	3	0	7	0	3	1	1	0	0	1	1	1	1	a	Q1
2	222	var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	3	0	0	0	0	3	3	0	0	1	1	3	1	a	Q1
3	1	var. <i>tuberosum</i>	"Kurze Dicke Zucker"	/	nein	0	3	0	1	0	3	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	133	2	b	Q2
4	3	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	1	0	1	0	0	n.b.	n.a.	0	0	1	1	174	2	b	Q2
5	4	var. <i>tuberosum</i>	"Olomoucka Dlouha"	/	nein	0	5	0	5	0	7	0	5	n.b.	1	1	1	0	0	162	2	b	Q2
6	6	var. <i>tuberosum</i>	"Stupicka Polodlouha"	/	nein	0	3	0	0	0	7	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	150	2	b	Q2
7	7	var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	3	0	1	0	5	0	1	n.b.	3	0	0	1	1	7	1	a	Q1
8	8	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>tuberosum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	3	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	136	2	b	Q2
9	9	var. <i>tuberosum</i>	"Prerovska Polodlouha"	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	146	2	b	Q2
10	10	var. <i>crispum</i>	"Kaderava"	/	nein	0	5	0	3	0	1	0	5	n.b.	3	0	0	1	1	12	1	a	Q1
11	12	var. <i>tuberosum</i>	"Dobra"	/	nein	0	3	0	1	0	3	0	1	n.b.	1	1	1	0	0	140	2	b	Q2
12	13	var. <i>tuberosum</i>	"Hanacka"	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	141	2	b	Q2
13	14	var. <i>crispum</i>	"Mohafodrozatu"	/	nein	0	7	0	3	0	3	0	5	3	2	0	0	1	1	13	1	a	Q1
14	15	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Mesten"	/	nein	0	3	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	135	2	b	Q2
15	16	var. <i>tuberosum</i>	"Hosszú"	/	nein	0	0	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	180	2	b	Q2
16	17	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	1	0	0	1	0	29	1	a	Q1
17	18	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Festival"	/	nein	0	7	0	3	0	1	0	5	1	1	0	0	1	1	38	1	a	Q1
18	19	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	5	0	0	0	7	0	7	1	1	0	0	1	1	41	1	a	Q1
19	20	var. <i>tuberosum</i>	"Urozajnaja"	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	147	2	b	Q2
20	21	var. <i>tuberosum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	148	2	b	Q2
21	22	var. <i>tuberosum</i>	"Korenoviden"	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	137	2	b	Q2
22	23	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SK	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	138	2	b	Q2
23	24	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	7	0	0	0	0	0	5	2	2	0	0	1	1	4	1	a	Q1
24	25	var. <i>crispum</i>	"Gärtnerstolz"	/	nein	0	7	0	n.a.	0	1	0	n.a.	4	3	0	n.a.	1	n.a.	5	1	a	Q1
25	26	var. <i>tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	175	2	b	Q2
26	27	var. <i>tuberosum</i>	"Halblange"	/	nein	0	3	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	151	2	b	Q2
27	28	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	3	0	1	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	79	1	a	Q1
28	29	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	3	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	213	2	n.a.	Q2
29	30	var. <i>tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	153	2	b	Q2
30	31	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	5	0	3	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	25	1	a	Q1
31	32	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Festival 68"	/	nein	0	5	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	56	1	a	Q1
32	33	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	154	2	b	Q2
33	34	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	0	1	1	139	2	b	Q2
34	35	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	1	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	185	2	b	Q2
35	36	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	134	2	b	Q2
36	37	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	1	0	0	0	5	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	192	2	b	Q2
37	38	var. <i>tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	1	0	0	0	1	0	1	n.b.	1	1	1	0	0	143	2	b	Q2
38	39	var. <i>tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	144	2	b	Q2
39	40	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	LAR	ja	0	5	0	3	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	114	1	a	Q1
40	41	var. <i>tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	155	2	b	Q2

Tab. 7.1: fortgesetzt (2/6)

Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
41	42	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	57	1	a	Q1
42	43	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	165	2	b	Q2
43	44	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	168	2	b	Q2
44	45	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	145	2	b	Q2
45	46	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Prezzemolo Gigante"	I	ja	0	3	0	3	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	120	1	a	Q1
46	47	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	5	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	68	1	a	Q1
47	48	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	69	1	b	Q1
48	49	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	1	0	1	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	210	2	a	Q2
49	50	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	LAR	ja	0	7	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	207	2	b	Q2
50	51	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	LAR	ja	0	7	0	1	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	208	2	b	Q2
51	52	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	97	1	a	Q1
52	53	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	1	0	5	0	3	1	1	0	0	1	1	42	1	a	Q1
53	54	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	1	0	5	0	1	1	1	0	0	1	1	124	1	a	Q1
54	55	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	I	ja	0	7	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	1	1	50	1	a	Q1
55	56	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	0	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	127	1	a	Q1
56	57	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	2	1	a	Q1
57	60	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	0	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	23	1	a	Q1
58	61	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	n.a.	0	0	1	1	52	1	a	Q1
59	62	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Comune d'Italia"	/	nein	0	5	0	n.a.	0	8	0	n.a.	1	n.a.	0	0	1	1	122	1	a	Q1
60	63	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	n.a.	0	0	0	n.a.	1	n.a.	0	0	1	1	216	2	b	Q2
61	64	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	130	1	a	Q1
62	65	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	IRQ	ja	0	7	0	0	0	3	0	5	1	1	0	0	1	1	117	1	a	Q1
63	66	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	IRQ	ja	0	7	0	n.a.	0	5	0	n.a.	1	1	0	0	1	1	18	1	a	Q1
64	67	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	129	1	b	Q1
65	68	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	8	0	3	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	214	2	a	Q2
66	69	var. <i>crispum</i> mit Tendenz zu var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Riccio Muschiato"	/	nein	0	5	0	1	0	5	0	3	2	2	0	1	1	1	26	1	a	Q1
67	70	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	128	1	b	Q1
68	71	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	1	7	0	0	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	200	2	a	Q2
69	72	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	149	2	b	Q2
70	73	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	3	5	0	1	0	3	0	1	1	1	0	0	1	1	83	1	a	Q1
71	74	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	209	2	b	Q2
72	75	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	3	0	7	0	7	1	1	0	0	1	1	28	1	a	Q1
73	76	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	n.a.	0	7	0	n.a.	1	1	0	0	1	1	98	1	a	Q1
74	77 A	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	3	5	0	1	0	5	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	39	1	a	Q1
75	77 B	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	3	7	0	3	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	126	1	a	Q1
76	79	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	7	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	64	1	a	Q1
77	80	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	7	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	65	1	a	Q1
78	81	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	66	1	a	Q1

Tab. 7.1: fortgesetzt (3/6)

Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
79	82	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	0	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	61	1	a	Q1
80	83	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	1	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	99	1	a	Q1
81	84	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	58	1	a	Q1
82	85	var. <i>tuberosum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	206	2	b	Q2
83	87	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	70	1	a	Q1
84	88	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	101	1	a	Q1
85	89	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	5	0	7	0	8	n.b.	n.a.	0	0	1	1	84	1	a	Q1
86	90	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	0	0	8	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	106	1	n.a.	Q1
87	91	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	1	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	107	1	a	Q1
88	92	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	109	1	a	Q1
89	94	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	112	1	n.a.	Q1
90	95	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	3	7	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	181	2	b	Q2
91	97	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	3	5	0	3	0	3	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	217	2	a	Q2
92	98	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	89	1	a	Q1
93	99	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	53	1	a	Q1
94	100	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	72	1	a	Q1
95	101	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	1	0	3	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	91	1	a	Q1
96	102	var. <i>tuberosum</i>	keine	/	nein	0	5	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	183	2	b	Q2
97	103	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	5	0	3	1	1	0	0	1	1	131	1	a	Q1
98	104	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>tuberosum</i>	keine	/	nein	0	3	0	n.a.	0	0	0	n.a.	1	n.a.	0	n.a.	1	n.a.	184	2	n.a.	Q2
99	105	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	7	0	1	1	1	0	0	1	1	119	1	a	Q1
100	106	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	3	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	115	1	a	Q1
101	107	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	1	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	102	1	a	Q1
102	108	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	198	2	b	Q2
103	109	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Genovese"	/	nein	0	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	54	1	a	Q1
104	110	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	5	0	1	0	0	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	204	2	b	Q2
105	111	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	1	0	3	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	93	1	a	Q1
106	113	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	0	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	86	1	a	Q1
107	114	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	73	1	a	Q1
108	115	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	3	0	5	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	212	2	b	Q2
109	116	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	3	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	215	2	b	Q2
110	117	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	5	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	96	1	a	Q1
111	118	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	76	1	a	Q1
112	119	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	3	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	77	1	a	Q1
113	120	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	75	1	a	Q1
114	121	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	7	0	1	0	5	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	78	1	a	Q1
115	122	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	1	0	3	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	123	1	a	Q1
116	123	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	125	1	a	Q1
117	124	var. <i>crispum</i>	"Paramount"	/	nein	0	7	0	3	0	5	0	1	n.b.	3	0	0	1	1	218	2	a	Q2
118	125	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	AL	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	132	1	b	Q1
119	126	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	AL	ja	0	3	0	0	0	1	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	203	2	b	Q2

Tab. 7.1: fortgesetzt (4/6)

Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
120	127	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	5	0	0	0	1	0	1	n.b.	1	n.a.	0	n.a.	0	211	2	b	Q2
121	128	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	1	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	194	2	b	Q2
122	129	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	AL	ja	0	3	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	182	2	b	Q2
123	131	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	ROM	ja	0	1	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	188	2	b	Q2
124	132	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	ROM	ja	0	1	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	176	2	b	Q2
125	133	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	AL	ja	0	1	0	0	0	0	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	189	2	b	Q2
126	134	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	177	2	b	Q2
127	135	var. <i>tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	0	0	0	0	1	n.b.	1	1	1	0	0	163	2	b	Q2
128	136	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	190	2	b	Q2
129	137	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	HR	ja	0	7	0	3	0	0	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	116	1	a	Q1
130	138	var. <i>tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	178	2	b	Q2
131	139	var. <i>tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	1	0	3	0	3	0	1	n.b.	1	1	1	0	0	201	2	b	Q2
132	140	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	186	2	b	Q2
133	141	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	1	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	193	2	b	Q2
134	142	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	1	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	197	2	b	Q2
135	143	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	0	0	1	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	167	2	b	Q2
136	144	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	5	0	1	0	3	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	172	2	b	Q2
137	145	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	219	2	a	Q2
138	146	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	1	0	5	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	195	2	b	Q2
139	147	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	0	5	0	3	1	1	0	0	1	1	118	1	a	Q1
140	148	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	63	1	a	Q1
141	149	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	110	1	a	Q1
142	150	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	MA	ja	0	7	0	1	0	8	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	81	1	a	Q1
143	151	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	P	ja	0	5	0	0	0	7	0	3	1	1	0	0	1	1	82	1	a	Q1
144	153	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	142	2	b	Q2
145	154	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	156	2	b	Q2
146	155	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	202	2	b	Q2
147	156	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	108	1	a	Q1
148	157	var. <i>crispum</i> mit Tendenz zu var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Paramount"	/	nein	0	7	0	0	0	1	0	3	n.b.	3	0	0	1	1	16	1	a	Q1
149	158	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	1	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	104	1	a	Q1
150	159	var. <i>tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	205	2	b	Q2
151	160	var. <i>tuberosum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	3	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	169	2	b	Q2
152	161	var. <i>crispum</i>	"Parana"	/	nein	0	5	0	5	0	5	0	3	n.b.	3	0	0	1	1	10	1	a	Q1
153	162	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Festival 68"	/	nein	0	5	0	3	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	31	1	a	Q1
154	163	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Glattblättrige"	/	nein	0	5	0	3	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	34	1	a	Q1
155	165	var. <i>crispum</i>	"Parus"	/	nein	0	5	0	5	0	5	0	3	n.b.	3	0	0	1	1	15	1	a	Q1
156	167	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	179	2	b	Q2
157	168	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	164	2	b	Q2
158	169	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	159	2	b	Q2
159	170	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	191	2	b	Q2
160	171	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	3	0	0	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	105	1	a	Q1

Tab. 7.1: fortgesetzt (5/6)

Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
161	172	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	1	0	1	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	199	2	b	Q2
162	173	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	3	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	166	2	b	Q2
163	174	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	3	5	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	173	2	b	Q2
164	175	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	3	5	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	67	1	a	Q1
165	176	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	1	7	0	5	0	1	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	45	1	a	Q1
166	177	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	157	2	b	Q2
167	178	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	1	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	158	2	b	Q2
168	179	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	3	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	46	1	a	Q1
169	180	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	5	0	3	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	103	1	a	Q1
170	181	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	1	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	160	2	b	Q2
171	182	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	121	1	a	Q1
172	183	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	3	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	92	1	a	Q1
173	184	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	88	1	a	Q1
174	185	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	90	1	a	Q1
175	186	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	5	3	0	5	0	3	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	n.a.	n.a.	a	n.a.
176	187	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E	ja	0	3	0	3	0	0	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	19	1	a	Q1
177	188	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E	ja	1	7	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	85	1	a	Q1
178	189	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E	ja	0	7	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	152	2	b	Q2
179	191	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	161	2	b	Q2
180	192	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	F	ja	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1	33	1	a	Q1
181	193	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	F	ja	0	3	0	1	0	3	0	5	1	1	0	0	1	1	30	1	a	Q1
182	194	var. <i>crispum</i>	"Grüne Perle"	/	nein	0	3	0	1	0	3	0	3	3	3	0	0	1	1	20	1	a	Q1
183	195	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	1	0	5	0	3	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	21	1	a	Q1
184	196	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	7	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	95	1	a	Q1
185	197	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	1	5	0	7	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	113	1	a	Q1
186	198	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	3	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	47	1	a	Q1
187	199	var. <i>crispum</i>	keine	F	ja	1	7	0	5	0	0	0	5	n.b.	3	0	0	1	1	22	1	a	Q1
188	201	var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	5	0	0	0	5	n.b.	2	0	0	1	1	6	1	a	Q1
189	202	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	3	0	7	0	3	0	7	n.b.	2	0	0	1	1	87	1	a	Q1
190	207	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	5	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	48	1	a	Q1
191	208	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	3	0	3	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	43	1	a	Q1
192	209	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	5	0	1	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	44	1	a	Q1
193	210	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	40	1	a	Q1
194	211	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"LOCAL"	/	nein	0	1	0	3	0	3	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	36	1	a	Q1
195	212	var. <i>tuberosum</i>	"SAHARNAJA"	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	187	2	b	Q2
196	213	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	3	0	1	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	100	1	a	Q1
197	214	var. <i>tuberosum</i>	"HALBLANGE"	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	170	2	b	Q2
198	215	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	71	1	a	Q1
199	216	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	51	1	a	Q1
200	217	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	94	1	a	Q1

Tab. 7.1: fortgesetzt (6/6)

Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
201	220	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	7	0	0	0	0	0	1	2	2	0	0	1	1	8	1	a	Q1
202	P07/800	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E	ja	0	3	0	5	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	32	1	a	Q1
203	P07/801	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E*	ja	1	3	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	27	1	a	Q1
204	P07/802	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E**	ja	0	5	0	5	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	59	1	n.a.	Q1
205	P07/606	var. <i>crispum</i>	Sorte, unbekannt	/	nein	0	5	0	3	0	5	0	5	n.b.	3	0	0	1	1	17	1	a	Q1
206	P07/510	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	5	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	9	1	a	Q1
207	P07/619	var. <i>crispum</i>	NEL, Sorte "Thujade"	/	nein	0	3	0	3	0	3	0	5	3	2	0	0	1	1	11	1	a	Q1
208	P07/786	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	3	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	74	1	a	Q1
209	P07/787	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	7	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	49	1	a	Q1
210	P07/788	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	5	0	5	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	35	1	a	Q1
211	P07/789	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	3	0	3	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	55	1	a	Q1
212	P07/790	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	60	1	a	Q1
213	P07/791	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"crespo"	/	nein	0	3	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	24	1	a	Q1
214	P07/792	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"perenil"	/	nein	0	5	0	5	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	62	1	a	Q1
215	P07/793	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"apio"	/	nein	0	5	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	37	1	a	Q1
216	P07/794	var. <i>crispum</i>	"chinesische petersilie aus mexiko"	/	nein	0	5	0	3	0	3	0	5	n.b.	3	0	0	1	1	14	1	a	Q1
217	P07/795	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"ziso"	/	nein	0	3	0	5	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	80	1	a	Q1
218	P07/796	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"herbo"	/	nein	0	3	0	5	0	7	0	7	n.b.	1	1	0	1	1	111	1	a	Q1
219	P07/797	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	0	0	5	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	171	2	b	Q2
220	P07/785	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	196	2	b	Q2

Legende zu Tab. 7.1+7.5: Erklärungen für die Abkürzungen der Spaltenbezeichnungen und Spalten zu den Tabellen 7.1 und 7.5

kurze Spaltenbezeichnung	ausführliche Spaltenbezeichnung	Abkürzung des ursprünglichen Herkunftslandes	ursprüngliches Herkunftsland
Q-Nr.	QLB'er VPc07/31/...-Nummerierung nach Quedlinburger Anbauplan	AL	Albanien
PET	PET-Nr. - Nummerierung der ex situ Genbank des IPK Gatersleben	BG	Bulgarien
infraspezifisches Taxon	taxonomisches System nach Danert, ohne Erwähnung der Formen	E	Spanien
Bezeichnung d. Akzession	Bezeichnung der Akzession	E*	Balearen/Mallorca, Spanien
		E**	La Palma, St.Cruz de Teneriffa, Spanien
1	geographischer Ursprung	F	Frankreich
2	Landrasse-Typ ja / nein	GE	Georgien
3	Boniturnote des <i>Septoria petroselini</i> -Befalls am 03.07.2007 in Quedlinburg	HR	Kroatien
4	Boniturnote des <i>Septoria petroselini</i> -Befalls am 20.09.2007 in Quedlinburg	IRQ	Irak
5	Boniturnote des <i>Septoria petroselini</i> -Befalls am 04.07.2007 in Gatersleben	I	Italien
6	Boniturnote des <i>Septoria petroselini</i> -Befalls am 21.09.2007 in Gatersleben ¹	LAR	Libyen
7	Boniturnote des <i>Plasmopara petroselini</i> -Befalls am 03.07.2007 in Quedlinburg	MA	Marokko
8	Boniturnote des <i>Plasmopara petroselini</i> -Befalls am 20.09.2007 in Quedlinburg	P	Portugal
9	Boniturnote des <i>Plasmopara petroselini</i> -Befalls am 04.07.2007 in Gatersleben	ROM	Rumänien
10	Boniturnote des <i>Plasmopara petroselini</i> -Befalls am 21.09.2007 in Gatersleben ¹	SK	Slowakei
11	Boniturnote des Merkmals Blatt kraus / glatt in Quedlinburg ²	SYR	Syrien
12	Boniturnote des Merkmals Blatt kraus / glatt in Gatersleben ¹	TN	Tunesien
13	Boniturnote des Merkmals Wurzelverdickung ja / nein in Quedlinburg ¹		
14	Boniturnote des Merkmals Wurzelverdickung ja / nein in Gatersleben ¹		
15	Boniturnote des Merkmals Wurzelverholzung ja / nein in Quedlinburg ¹		
16	Boniturnote des Merkmals Wurzelverholzung ja / nein in Gatersleben ¹		
17	Rang im Dendrogramm auf molekulargenetischer Basis ¹		
18	Nummer des Clusters im Dendrogramm auf molekulargenetischer Basis ¹		
19	Buchstabe des Clusters im VOCs-PCA-Cluster ¹		
20	Bezeichnung der Untergruppe nach structure-Analyse ¹		

¹n.a. - nicht auswertbar

²n.b. - nicht bonitiert

Tab. 7.2: fortgesetzt (5/30)

Q-Nr.	Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																				
	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133
1	0,0	0,0	5,5	7,7	0,0	0,0	264,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,9	0,0	0,0	344,8	0,0	0,0
2	0,0	0,0	30,5	12,3	0,0	0,0	3271,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	18,8	0,0	0,0	0,0
3	0,0	0,0	12,4	15,2	0,0	0,0	214,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
4	0,0	0,0	11,0	7,4	0,0	0,0	157,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	7,1	0,0	0,0	0,0
5	0,0	0,0	0,0	9,3	0,0	0,0	441,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
6	0,0	0,0	8,6	0,0	0,0	0,0	538,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,0	0,0	0,0	0,0
7	0,0	0,0	14,7	0,0	0,0	0,0	982,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	10,2	0,0	0,0	0,0
8	0,0	0,0	9,4	4,3	0,0	0,0	546,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,5	0,0	0,0	0,0
9	0,0	0,0	9,7	0,0	0,0	0,0	747,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
10	0,0	0,0	7,8	0,0	0,0	0,0	720,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,1	0,0	0,0	0,0
11	0,0	0,0	0,0	9,5	0,0	0,0	55,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
12	0,0	0,0	22,7	0,0	0,0	0,0	1170,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	10,0	0,0	0,0	0,0
13	0,0	0,0	23,5	0,0	0,0	9,0	1272,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	10,7	0,0	0,0	9,5	0,0	12,2	0,0
14	0,0	0,0	12,5	5,3	0,0	0,0	722,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,1	0,0	4,9	0,0
15	0,0	0,0	13,7	8,8	0,0	0,0	908,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,5	0,0	0,0	0,0
16	0,0	0,0	10,0	6,2	0,0	0,0	830,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	309,2	0,0	0,0
17	0,0	0,0	8,0	0,0	0,0	0,0	729,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	176,0	0,0	0,0
18	0,0	0,0	10,7	0,0	0,0	0,0	1121,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	174,8	0,0	0,0
19	0,0	0,0	0,0	11,5	0,0	0,0	182,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
20	0,0	0,0	9,4	9,2	0,0	0,0	807,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,4	0,0	0,0	0,0	0,0	5,5	0,0
21	0,0	0,0	15,6	11,5	0,0	3,8	864,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	7,3	0,0	0,0	0,0
22	0,0	0,0	9,5	8,3	0,0	3,0	640,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0	4,3	0,0	0,0	0,0
23	0,0	0,0	18,9	0,0	0,0	0,0	1151,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	8,9	0,0	0,0	0,0
24	0,0	0,0	21,2	7,3	0,0	0,0	1617,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	10,9	0,0	0,0	0,0
25	0,0	0,0	3,5	9,0	0,0	0,0	383,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
26	0,0	0,0	6,3	8,5	0,0	0,0	24,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0
27	0,0	0,0	8,9	0,0	0,0	0,0	1157,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	137,6	0,0	0,0
28	0,0	0,0	0,0	6,6	0,0	0,0	359,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	168,5	0,0	0,0
29	3,9	0,0	3,9	10,7	0,0	0,0	578,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	0,0	0,0
30	0,0	0,0	6,1	0,0	0,0	0,0	1318,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
31	0,0	0,0	4,0	0,0	0,0	0,0	685,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	96,9	0,0	0,0
32	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
33	0,0	0,0	5,4	4,2	0,0	0,0	970,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
34	0,0	0,0	0,0	4,0	0,0	0,0	379,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
35	0,0	0,0	0,0	3,5	0,0	0,0	13,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
36	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	311,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
37	0,0	0,0	12,1	16,0	0,0	0,0	644,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	7,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,6	0,0	0,0
38	0,0	0,0	12,7	15,6	0,0	0,0	1626,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,9	0,0	0,0	0,0	0,0
39	0,0	0,0	4,6	0,0	0,0	0,0	137,7	0,0	0,0	0,0	0,0	5,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	280,7	0,0	4,3
40	0,0	0,0	9,3	7,7	0,0	0,0	638,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
41	0,0	0,0	7,0	0,0	0,0	0,0	1660,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
42	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	148,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0

Tab. 7.2: fortgesetzt (10/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																					
Q-Nr.	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133
43	0,0	0,0	0,0	4,4	0,0	0,0	9,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
44	0,0	0,0	0,0	11,6	0,0	0,0	10,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
45	0,0	0,0	0,0	2,8	0,0	0,0	12,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	264,2	0,0	0,0
46	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	988,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	209,9	0,0
47	0,0	0,0	0,0	4,3	0,0	0,0	72,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	22,7	0,0	0,0
48	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	918,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	158,5	0,0	0,0
49	0,0	0,0	3,6	0,0	0,0	0,0	307,9	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	2,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
50	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	54,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
51	0,0	0,0	10,1	0,0	0,0	0,0	703,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,0	117,1	0,0	0,0
52	0,0	0,0	7,6	0,0	0,0	0,0	533,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,3	207,1	0,0	0,0
53	0,0	0,0	6,6	0,0	0,0	0,0	398,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,1	0,0	4,0	201,2	0,0	0,0
54	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	18,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,3	0,0	0,0	270,2	0,0	0,0
55	0,0	0,0	11,2	0,0	0,0	0,0	594,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	7,4	122,1	0,0	0,0
56	0,0	0,0	13,1	6,6	0,0	0,0	858,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,1	0,0	0,0	9,3	10,9	0,0	0,0
57	0,0	0,0	4,5	0,0	0,0	0,0	335,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	169,9	0,0	0,0
58	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	136,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,1	0,0	0,0	453,4	0,0	0,0
59	0,0	0,0	8,6	5,2	0,0	0,0	464,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,0	0,0	5,3	255,6	0,0	0,0
60	0,0	0,0	0,0	6,8	0,0	0,0	6,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,0	0,0	0,0
61	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,6	4,2	0,0	0,0	326,3	0,0	0,0
62	0,0	0,0	12,2	0,0	0,0	0,0	1175,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	7,9	14,1	0,0	0,0
63	0,0	0,0	11,9	4,7	0,0	0,0	936,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,6	55,6	0,0	0,0
64	0,0	0,0	3,9	13,3	0,0	0,0	318,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
65	0,0	0,0	0,0	7,6	0,0	0,0	24,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	9,3	0,0	0,0	434,9	0,0	0,0
66	0,0	0,0	24,7	0,0	0,0	0,0	1772,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	13,7	0,0	0,0	0,0
67	0,0	0,0	10,7	8,7	0,0	0,0	765,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,4	0,0	0,0	0,0
68	0,0	0,0	7,6	0,0	0,0	0,0	774,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	0,0
69	0,0	0,0	7,1	7,2	0,0	0,0	682,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	0,0
70	0,0	0,0	0,0	3,5	0,0	0,0	267,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	248,7	0,0	0,0
71	0,0	0,0	5,2	0,0	0,0	0,0	286,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
72	0,0	0,0	8,5	0,0	0,0	0,0	1812,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,0	4,9	0,0	0,0
73	0,0	0,0	8,0	4,8	0,0	0,0	580,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,4	0,0	0,0	266,4	0,0	0,0
74	0,0	0,0	0,0	6,4	0,0	0,0	14,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	115,8	0,0	0,0
75	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	346,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	0,0	220,3	0,0	0,0
76	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	166,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	146,5	0,0	0,0
77	0,0	0,0	0,0	2,7	0,0	0,0	15,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,8	0,0	0,0	0,0	252,0	0,0	0,0
78	0,0	0,0	7,1	8,9	0,0	0,0	767,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,5	68,5	0,0	0,0
79	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	185,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	201,8	0,0	0,0
80	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	875,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	74,1	0,0	0,0
81	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	470,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	240,2	0,0	0,0
82	0,0	0,0	0,0	7,0	0,0	0,0	25,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,9	0,0	0,0
83	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	715,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
84	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	0,0	1043,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0

Tab. 7.2: fortgesetzt (15/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																					
Q-Nr.	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133
85	0,0	0,0	0,0	2,5	0,0	0,0	71,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,8	0,0	0,0	0,0	182,5	0,0	0,0
86	0,0	0,0	0,0	2,2	0,0	0,0	2,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,5	1,9	0,0	0,0	206,4	0,0	0,0
87	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	230,1	0,0	0,0
88	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	13,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	182,8	0,0	0,0
89	0,0	0,0	0,0	4,0	0,0	0,0	502,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,6	0,0	0,0	0,0	3,6	0,0	0,0
90	0,0	0,0	0,0	9,1	0,0	0,0	22,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,0	0,0	0,0	0,0	11,0	0,0	0,0
91	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	360,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	67,7	0,0	0,0
92	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	239,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,6	0,0	0,0	0,0	215,5	6,9	0,0
93	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	901,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	106,7	0,0	0,0
94	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	105,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	193,5	0,0	0,0
95	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	373,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	102,3	0,0	0,0
96	0,0	0,0	0,0	2,9	0,0	0,0	16,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
97	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	673,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
98	0,0	0,0	3,4	3,3	0,0	0,0	1150,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	180,6	0,0	0,0
99	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	139,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,2	0,0	0,0	0,0	229,4	0,0	0,0
100	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	881,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0	0,0	5,2	0,0	0,0
101	0,0	0,0	0,0	5,1	0,0	0,0	966,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
102	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	245,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,8	0,0	0,0	0,0	179,4	0,0	0,0
103	0,0	0,0	0,0	3,0	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
104	0,0	0,0	0,0	1,6	0,0	1,5	210,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,7	0,0	0,0	0,0	255,9	0,0	0,0
105	0,0	0,0	0,0	3,6	0,0	0,0	219,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0	0,0	183,4	0,0	0,0
106	0,0	0,0	0,0	2,6	0,0	0,0	135,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	203,1	0,0	0,0
107	0,0	0,0	0,0	2,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
108	0,0	0,0	0,0	2,7	0,0	0,0	10,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	0,0	48,3	0,0	0,0
109	0,0	0,0	0,0	4,1	0,0	0,0	251,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,5	0,0	0,0	0,0	190,3	0,0	0,0
110	0,0	0,0	0,0	2,8	0,0	0,0	221,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	158,5	0,0	0,0
111	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	146,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,7	0,0	0,0	0,0	169,5	0,0	0,0
112	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	135,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	171,0	0,0	0,0
113	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	44,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	184,4	0,0	0,0
114	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	49,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	229,4	0,0	0,0
115	0,0	0,0	0,0	2,2	0,0	0,0	29,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	197,8	0,0	0,0
116	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	67,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	194,7	0,0	0,0
117	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1479,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,0	0,0	0,0
118	0,0	0,0	0,0	9,1	0,0	0,0	925,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
119	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	49,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
120	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	9,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
121	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
122	0,0	0,0	3,9	20,8	0,0	0,0	857,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
123	0,0	0,0	2,1	10,1	0,0	0,0	39,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
124	0,0	0,0	4,9	4,0	0,0	0,0	174,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0

Tab. 7.2: fortgesetzt (18/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																												
Q-Nr.	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83
125	42,5	0,0	0,0	4,7	0,0	27,5	130,3	0,0	0,0	0,0	5,2	0,0	4,1	17,8	0,0	3,4	9,9	0,0	26,6	4,9	11,8	0,0	14,3	0,0	44,7	0,0	22,6	81,7
126	47,7	4,8	0,0	3,7	0,0	23,6	59,9	0,0	0,0	0,0	3,9	0,0	3,1	6,2	0,0	3,4	6,8	0,0	33,3	4,1	5,2	3,6	0,0	0,0	68,6	0,0	21,3	62,6
127	63,4	0,0	0,0	0,0	0,0	44,9	98,5	2,8	0,0	0,0	4,7	0,0	9,7	12,0	0,0	6,9	29,6	0,0	58,2	3,1	11,3	0,0	14,5	0,0	56,2	0,0	23,9	88,5
128	68,4	0,0	0,0	5,2	0,0	32,6	98,6	0,0	0,0	0,0	3,7	0,0	6,4	8,7	2,5	3,7	17,1	0,0	38,4	0,0	5,9	3,5	12,2	0,0	40,5	0,0	17,7	92,1
129	124,4	0,0	0,0	8,7	0,0	39,4	9,7	5,6	0,0	0,0	3,4	0,0	11,2	28,7	0,0	8,7	9,2	0,0	31,2	5,3	12,0	0,0	22,6	3,4	10,6	2,3	7,4	148,8
130	67,1	6,5	0,0	8,1	0,0	27,0	42,0	0,0	3,0	0,0	0,0	0,0	3,0	11,0	3,3	6,3	5,8	0,0	55,8	3,4	10,3	5,0	5,5	2,2	27,1	0,0	13,1	87,7
131	61,4	0,0	0,0	4,3	2,3	32,4	50,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,0	11,2	4,1	7,2	10,7	0,0	65,5	5,3	6,7	6,3	7,3	0,0	44,1	0,0	17,7	126,4
132	43,5	4,0	0,0	8,3	0,0	7,3	22,1	2,0	0,0	0,0	3,0	0,0	2,4	8,0	6,0	4,1	2,5	0,0	41,4	3,5	8,3	3,7	12,6	0,0	36,8	0,0	20,6	88,5
133	45,4	0,0	0,0	4,1	0,0	53,2	114,5	3,6	0,0	0,0	6,0	0,0	8,2	77,9	4,1	6,6	21,7	0,0	60,3	6,1	8,6	5,0	27,6	0,0	51,6	5,3	28,1	92,0
134	31,1	0,0	0,0	0,0	0,0	16,4	22,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,9	3,5	0,0	4,1	13,9	0,0	17,0	2,7	3,7	0,0	4,8	0,0	27,8	0,0	15,0	90,8
135	38,9	0,0	0,0	0,0	0,0	17,9	19,4	0,0	0,0	0,0	2,4	0,0	5,8	3,8	0,0	3,5	16,4	0,0	16,1	3,2	3,7	2,2	3,2	0,0	36,0	0,0	14,2	68,3
136	37,4	3,3	0,0	0,0	0,0	26,4	34,0	0,0	0,0	0,0	6,0	0,0	8,6	4,1	2,2	2,7	25,9	0,0	19,5	4,6	5,0	3,5	7,8	0,0	42,5	0,0	19,0	77,1
137	36,0	0,0	5,4	4,4	0,0	26,7	58,6	0,0	0,0	0,0	5,3	0,0	6,0	66,1	0,0	0,0	16,6	0,0	52,3	6,7	11,8	3,3	23,7	0,0	48,8	3,2	13,9	35,5
138	46,0	0,0	0,0	0,0	0,0	16,4	17,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,0	7,7	0,0	4,1	14,3	0,0	21,3	3,2	3,0	2,6	4,5	0,0	28,5	0,0	11,5	77,8
139	45,5	5,7	8,6	7,5	0,0	37,5	67,6	3,7	0,0	0,0	5,3	0,0	16,6	76,1	0,0	0,0	8,6	0,0	76,3	16,8	14,8	4,0	30,1	0,0	45,7	4,9	11,0	118,5
140	38,4	7,0	0,0	14,7	0,0	29,0	49,6	3,0	3,1	0,0	5,9	0,0	0,0	136,3	0,0	5,0	3,3	0,0	31,5	17,8	21,7	4,7	22,5	4,5	20,7	6,4	13,9	140,1
141	82,6	0,0	16,0	8,4	0,0	24,3	39,3	3,6	0,0	0,0	4,9	0,0	0,0	116,1	0,0	3,1	0,0	0,0	163,8	8,9	15,2	2,9	15,3	2,5	56,6	3,8	7,5	128,7
142	55,2	8,4	229,5	11,4	0,0	32,4	33,6	0,0	3,8	0,0	3,8	0,0	6,7	58,5	0,0	7,1	0,0	0,0	1446,2	17,7	19,4	6,5	48,1	0,0	21,4	6,9	20,9	127,0
143	88,8	0,0	0,0	5,1	4,3	82,3	54,2	9,2	0,0	0,0	31,4	0,0	261,6	42,9	0,0	10,8	6,2	0,0	214,6	5,9	15,2	5,3	117,0	0,0	103,8	10,8	20,6	350,1
144	49,5	6,1	0,0	4,4	0,0	42,7	33,3	0,0	0,0	0,0	3,8	0,0	0,0	16,9	4,1	4,6	7,1	0,0	60,4	0,0	5,4	3,9	10,0	0,0	42,7	0,0	21,0	110,2
145	34,5	0,0	0,0	14,2	0,0	48,4	79,7	4,2	0,0	0,0	3,9	0,0	6,9	45,6	5,1	7,1	15,9	0,0	85,5	4,0	4,1	5,1	19,2	0,0	17,2	5,2	20,9	131,7
146	101,5	0,0	0,0	4,5	0,0	56,0	35,6	4,2	0,0	0,0	0,0	0,0	5,8	42,3	3,8	7,7	13,6	0,0	57,1	6,6	6,3	2,5	46,0	2,8	16,1	3,0	15,5	152,9
147	46,7	0,0	0,0	10,8	0,0	35,7	86,9	0,0	0,0	0,0	6,2	0,0	0,0	233,7	0,0	3,0	3,4	0,0	24,3	14,6	19,3	6,2	27,4	0,0	48,6	4,4	15,4	104,1
148	77,0	10,1	0,0	16,9	4,5	29,3	23,9	4,9	0,0	0,0	5,4	0,0	24,5	16,0	0,0	9,4	4,7	0,0	13,8	6,1	58,0	0,0	24,5	5,2	8,0	6,9	11,7	125,7
149	100,6	0,0	0,0	8,8	4,8	30,0	49,0	3,6	0,0	0,0	2,7	0,0	0,0	83,8	0,0	6,2	0,0	0,0	24,0	7,5	14,4	0,0	17,5	0,0	9,9	0,0	6,8	108,9
150	87,5	7,2	0,0	8,1	0,0	27,5	72,1	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	6,4	9,7	3,2	4,8	17,6	0,0	39,2	5,2	7,5	5,0	8,1	2,9	61,0	0,0	16,2	99,7
151	160,5	0,0	0,0	10,2	2,8	55,6	50,4	3,4	0,0	0,0	3,6	0,0	2,9	25,7	3,4	6,9	9,1	0,0	100,5	3,0	3,3	0,0	8,0	0,0	40,0	0,0	12,0	166,0
152	73,0	8,1	0,0	6,1	5,5	44,0	13,1	6,4	3,1	0,0	4,5	0,0	14,0	14,7	0,0	12,0	0,0	0,0	42,9	7,6	88,9	3,0	25,1	0,0	12,9	4,7	13,0	104,8
153	87,9	0,0	33,9	13,1	4,0	41,2	24,5	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	60,6	0,0	9,1	0,0	0,0	283,5	5,1	21,9	0,0	23,7	3,4	9,9	0,0	8,7	114,2
154	119,2	0,0	32,7	15,8	3,7	43,2	37,9	3,9	0,0	0,0	0,0	0,0	6,1	47,0	0,0	4,7	0,0	0,0	316,1	7,3	14,2	0,0	34,1	3,2	12,0	0,0	8,1	152,5
155	111,0	0,0	0,0	19,6	7,4	39,4	4,4	6,5	0,0	0,0	0,0	0,0	10,5	28,5	0,0	11,5	7,8	2,6	119,1	11,8	15,0	4,3	31,0	2,2	15,8	0,0	12,1	47,9
156	219,6	0,0	0,0	7,5	4,0	34,4	29,3	2,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	12,8	6,2	7,9	12,7	2,8	119,6	3,0	3,4	0,0	7,0	0,0	18,6	0,0	6,3	190,7
157	38,4	5,8	0,0	4,3	0,0	17,0	58,1	0,0	0,0	0,0	4,5	0,0	6,0	5,1	6,9	5,4	8,9	0,0	54,6	4,7	10,5	2,7	0,0	0,0	26,4	2,7	17,2	90,2
158	67,0	0,0	0,0	3,6	0,0	24,7	46,7	0,0	0,0	0,0	2,4	0,0	2,1	3,9	0,0	3,9	3,8	0,0	15,3	4,3	5,0	0,0	7,0	0,0	70,2	0,0	10,0	82,9
159	41,4	0,0	0,0	4,7	0,0	14,2	83,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,4	9,8	0,0	4,4	12,1	0,0	14,5	6,5	9,2	0,0	6,9	0,0	32,4	0,0	14,3	93,4
160	75,9	0,0	0,0	9,7	0,0	35,3	51,2	2,8	0,0	0,0	2,9	0,0	2,6	57,5	0,0	3,4	3,0	0,0	19,1	13,1	15,2	5,0	37,6	3,4	24,3	4,1	11,8	92,9
161	50,1	5,0	0,0	5,4	4,1	30,0	45,3	4,3	0,0	0,0	4,1	0,0	5,7	25,8	4,7	6,5	17,0	0,0	77,0	4,2	9,5	3,6	11,2	0,0	33,7	0,0	16,0	106,8
162	55,2	0,0	0,0	2,8	0,0	27,5	78,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,7	6,4	3,9	4,6	5,9	0,0	58,6	6,6	5,2	3,6	5,4	0,0	23,3	0,0	29,5	56,6

Tab. 7.2: fortgesetzt (20/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																					
Q-Nr.	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133
125	0,0	0,0	0,0	10,6	0,0	0,0	1185,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
126	0,0	0,0	0,0	5,1	0,0	0,0	129,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
127	0,0	0,0	0,0	16,9	0,0	0,0	1177,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
128	0,0	0,0	0,0	7,8	0,0	0,0	767,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
129	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	693,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
130	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	338,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
131	0,0	0,0	0,0	5,3	0,0	0,0	768,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
132	0,0	0,0	0,0	4,6	0,0	0,0	707,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
133	0,0	0,0	0,0	8,8	0,0	0,0	48,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,7	0,0	5,3	0,0	0,0	0,0	0,0
134	0,0	0,0	1,6	6,1	0,0	0,0	6,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
135	0,0	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
136	0,0	0,0	2,7	4,0	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
137	0,0	0,0	0,0	3,4	0,0	0,0	141,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	160,3	0,0	0,0
138	0,0	0,0	0,0	4,8	0,0	1,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
139	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	703,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	157,2	0,0	0,0
140	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	347,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,9	0,0	0,0	0,0	0,0	228,5	0,0	0,0
141	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	115,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0	0,0	218,4	0,0	0,0
142	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	56,3	4,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	272,9	0,0	0,0
143	0,0	4,5	0,0	10,5	0,0	0,0	20,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	593,4	0,0	0,0
144	0,0	0,0	0,0	6,3	0,0	0,0	5,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
145	0,0	0,0	0,0	8,2	0,0	3,7	4,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0	0,0	3,5	0,0	0,0
146	0,0	0,0	0,0	7,9	0,0	0,0	32,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,9	0,0	0,0
147	0,0	0,0	4,4	4,7	0,0	0,0	12,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	516,7	0,0	0,0
148	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	939,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,1	0,0	0,0
149	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	95,8	0,0	3,4	4,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	145,1	0,0	0,0
150	0,0	0,0	0,0	10,0	0,0	0,0	916,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
151	0,0	0,0	0,0	7,8	0,0	0,0	326,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
152	0,0	0,0	3,8	0,0	0,0	0,0	968,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
153	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	165,2	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	74,9	0,0	0,0
154	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	383,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	75,5	0,0	0,0
155	0,0	0,0	0,0	4,1	0,0	0,0	738,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,6	0,0	0,0
156	0,0	0,0	0,0	6,2	0,0	0,0	812,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
157	0,0	0,0	0,0	6,3	0,0	0,0	161,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
158	0,0	0,0	0,0	9,9	0,0	0,0	1259,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
159	0,0	0,0	2,6	4,9	0,0	0,0	477,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,8	0,0	0,0	0,0	9,8	0,0	0,0
160	0,0	0,0	0,0	4,9	0,0	0,0	844,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	128,8	0,0	0,0
161	0,0	0,0	0,0	6,3	0,0	0,0	332,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
162	0,0	0,0	0,0	2,9	0,0	0,0	156,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0

Tab. 7.2: fortgesetzt (25/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																					
Q-Nr.	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133
163	0,0	0,0	0,0	4,3	0,0	0,0	495,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
164	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	521,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	264,9	0,0	0,0
165	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	850,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	59,8	0,0	0,0
166	0,0	0,0	0,0	4,8	0,0	0,0	1016,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
167	0,0	0,0	0,0	4,7	0,0	0,0	936,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0
168	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	537,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	91,2	0,0	0,0
169	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	595,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,6	0,0	0,0	0,0	97,8	0,0	0,0
170	0,0	0,0	0,0	9,1	0,0	0,0	483,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,6	0,0	0,0
171	0,0	0,0	0,0	9,4	0,0	0,0	10,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	0,0	308,7	0,0	0,0
172	0,0	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	307,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	0,0	194,4	0,0	0,0
173	0,0	0,0	0,0	13,8	0,0	0,0	497,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,6	0,0	0,0	0,0	348,4	0,0	0,0
174	0,0	0,0	0,0	10,6	0,0	0,0	186,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	315,8	0,0	0,0
175	0,0	0,0	0,0	11,5	0,0	0,0	756,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	0,0	404,0	0,0	0,0
176	0,0	0,0	0,0	15,3	0,0	0,0	1363,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	16,2	0,0	0,0
177	0,0	0,0	0,0	13,7	0,0	0,0	507,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,5	0,0	0,0	0,0	334,9	0,0	0,0
178	0,0	0,0	0,0	13,0	0,0	0,0	16,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
179	0,0	0,0	0,0	27,9	0,0	4,2	945,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
180	0,0	0,0	0,0	19,0	0,0	0,0	1689,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
181	0,0	0,0	0,0	10,0	0,0	0,0	858,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	119,4	0,0	0,0
182	0,0	0,0	0,0	40,4	0,0	0,0	1636,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
183	0,0	0,0	0,0	15,9	0,0	0,0	365,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	267,7	0,0	0,0
184	0,0	0,0	0,0	5,1	0,0	0,0	17,5	0,0	0,0	3,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	207,1	0,0	0,0
185	0,0	0,0	0,0	11,0	0,0	0,0	55,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	333,8	0,0	0,0
186	0,0	0,0	0,0	6,1	0,0	0,0	7,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	303,5	0,0	0,0
187	0,0	0,0	0,0	16,0	0,0	0,0	1694,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
188	0,0	0,0	0,0	29,8	0,0	0,0	1977,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
189	0,0	0,0	0,0	10,3	0,0	0,0	1229,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,6	0,0	0,0
190	0,0	0,0	0,0	4,8	0,0	0,0	92,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	183,4	0,0	0,0
191	0,0	0,0	0,0	7,0	0,0	0,0	279,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	166,2	0,0	0,0
192	0,0	0,0	0,0	7,2	0,0	0,0	229,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	264,6	0,0	0,0
193	0,0	0,0	0,0	4,4	0,0	0,0	339,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	155,6	0,0	0,0
194	0,0	0,0	0,0	4,9	0,0	0,0	670,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	146,7	0,0	0,0
195	3,7	0,0	0,0	10,4	3,9	0,0	32,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0
196	0,0	0,0	0,0	17,7	0,0	0,0	361,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	87,4	0,0	0,0
197	4,1	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	87,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	8,4	0,0	0,0
198	0,0	0,0	0,0	8,3	0,0	0,0	579,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	137,9	0,0	0,0
199	0,0	0,0	0,0	14,3	0,0	0,0	836,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,7	0,0	0,0
200	0,0	0,0	0,0	13,4	0,0	0,0	331,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	222,2	0,0	0,0
201	0,0	0,0	0,0	29,0	0,0	0,0	990,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
202	0,0	0,0	0,0	5,3	0,0	0,0	286,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	117,4	0,0	0,0
203	0,0	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0	40,5	0,0	0,0	3,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	179,3	0,0	0,0

Tab. 7.2: fortgesetzt (26/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																											
Q-Nr.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
204	0,0	0,0	4,2	251,3	0,0	0,0	103,2	0,0	72,5	0,0	0,0	0,0	0,0	37,6	0,0	20,9	8,4	0,0	0,0	0,0	830,6	2,7	0,0	264,1	435,5	85,4	0,0
205	0,0	0,0	4,3	279,5	8,2	0,0	97,5	0,0	168,6	0,0	0,0	0,0	0,0	20,0	0,0	81,6	18,2	0,0	0,0	0,0	624,0	4,5	0,0	414,9	1577,0	59,5	5,9
206	0,0	0,0	4,2	247,3	0,0	0,0	78,0	0,0	675,5	0,0	0,0	4,6	0,0	33,8	0,0	494,4	32,2	0,0	0,0	2,2	374,0	2,3	0,0	256,8	629,8	102,0	0,0
207	0,0	0,0	4,3	253,9	0,0	0,0	7,2	0,0	400,4	0,0	0,0	5,3	0,0	20,2	0,0	248,7	40,8	0,0	5,2	0,0	465,5	2,3	0,0	404,1	1733,4	42,5	0,0
208	0,0	0,0	4,1	242,2	8,8	0,0	31,5	0,0	588,0	0,0	0,0	5,1	0,0	20,9	0,0	384,2	47,2	0,0	4,6	0,0	824,4	6,2	0,0	745,9	3906,2	250,1	0,0
209	0,0	0,0	4,1	254,4	9,0	0,0	17,4	0,0	431,7	0,0	0,0	4,2	0,0	13,1	0,0	247,4	50,6	0,0	7,2	0,0	1463,4	7,1	0,0	718,1	6019,8	108,8	4,6
210	0,0	0,0	4,0	242,9	0,0	0,0	41,7	0,0	397,7	0,0	0,0	0,0	0,0	15,4	0,0	239,1	20,0	0,0	0,0	0,0	1075,1	3,1	0,0	376,9	916,9	128,8	52,0
211	0,0	0,0	4,2	252,8	0,0	0,0	41,1	0,0	591,2	0,0	0,0	5,5	0,0	21,6	0,0	345,6	46,5	0,0	4,2	3,7	669,4	6,3	0,0	803,7	3178,2	237,6	17,4
212	0,0	0,0	5,0	299,4	0,0	0,0	45,0	0,0	300,2	0,0	0,0	0,0	0,0	18,0	0,0	187,2	25,6	0,0	0,0	0,0	783,4	6,2	0,0	521,3	1789,2	143,8	0,0
213	0,0	0,0	4,2	276,3	0,0	0,0	59,1	0,0	263,7	0,0	0,0	3,1	0,0	21,9	0,0	181,2	17,7	0,0	0,0	0,0	429,1	4,9	0,0	296,3	1424,4	111,7	0,0
214	0,0	0,0	4,2	259,7	0,0	0,0	49,9	0,0	267,2	0,0	0,0	0,0	0,0	22,0	0,0	181,5	16,0	0,0	0,0	0,0	341,0	5,3	0,0	285,9	1354,3	182,3	0,0
215	0,0	0,0	4,1	261,2	0,0	0,0	52,5	0,0	360,2	0,0	0,0	3,9	0,0	38,8	0,0	212,7	31,0	0,0	0,0	0,0	569,0	0,0	0,0	622,4	1087,6	186,4	0,0
216	0,0	0,0	4,3	297,9	0,0	0,0	50,0	0,0	281,8	4,7	0,0	4,5	0,0	11,0	0,0	215,1	25,9	0,0	4,6	0,0	654,5	11,3	0,0	248,6	3784,8	82,1	0,0
217	0,0	0,0	4,3	268,0	6,7	0,0	70,8	0,0	367,2	0,0	0,0	0,0	0,0	21,3	0,0	221,9	35,5	0,0	4,3	0,0	1222,4	6,7	0,0	660,0	3591,2	178,0	12,5
218	0,0	0,0	4,0	243,9	0,0	0,0	96,4	0,0	458,8	0,0	0,0	3,2	0,0	28,4	0,0	322,7	30,5	0,0	0,0	4,3	1740,0	5,4	0,0	433,9	1404,8	286,6	3,8
219	0,0	0,0	4,1	259,2	0,0	0,0	42,8	0,0	160,7	0,0	0,0	0,0	0,0	31,3	0,0	97,5	16,1	2,7	0,0	3,0	1012,6	2,6	0,0	467,6	276,1	586,2	3,2
220	0,0	0,0	4,4	258,8	0,0	0,0	36,8	0,0	168,1	0,0	0,0	0,0	0,0	40,8	0,0	98,1	14,9	3,0	0,0	2,7	1015,8	2,8	0,0	441,9	228,6	645,2	2,5

Tab. 7.2: fortgesetzt (27/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																												
Q-Nr.	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55
204	3,5	21,2	0,0	112,9	168,5	0,0	0,0	0,0	0,0	4,6	0,0	0,0	11,5	0,0	0,0	0,0	79,5	0,0	0,0	781,7	0,0	21,8	0,0	513,0	4,8	4,2	7,6	0,0
205	0,0	11,8	13,6	86,0	182,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	10,2	0,0	0,0	0,0	70,7	0,0	0,0	1643,6	0,0	36,6	0,0	636,9	5,7	5,4	4,1	3,6
206	0,0	5,2	0,0	65,2	57,1	0,0	0,0	0,0	0,0	2,8	0,0	0,0	7,0	0,0	0,0	0,0	40,4	2,1	0,0	1444,3	0,0	23,1	0,0	382,9	4,9	5,9	3,6	2,3
207	0,0	3,2	5,2	154,6	24,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	16,8	0,0	0,0	127,8	0,0	6,6	0,0	358,0	0,0	2,1	0,0	0,0
208	0,0	34,4	12,3	104,6	763,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	44,2	5,6	0,0	4962,6	0,0	77,1	0,0	1029,7	14,7	7,6	13,1	0,0	
209	0,0	53,4	19,8	137,5	343,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,5	0,0	0,0	0,0	54,6	5,4	0,0	4066,3	0,0	62,1	0,0	848,7	14,8	6,6	9,8	0,0
210	3,8	19,7	187,6	78,1	210,3	0,0	0,0	0,0	0,0	2,6	0,0	0,0	2,9	0,0	2,2	3,0	72,5	0,0	0,0	1719,3	0,0	32,9	0,0	499,2	4,1	5,2	3,4	0,0
211	0,0	81,9	65,2	193,8	373,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	66,2	4,5	0,0	3071,3	0,0	60,4	0,0	1005,5	11,0	5,5	5,1	0,0
212	0,0	31,4	12,8	97,1	352,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	34,9	7,8	0,0	2863,6	0,0	62,5	0,0	909,1	9,0	5,7	0,0	0,0
213	0,0	13,5	9,3	75,9	97,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,3	0,0	0,0	0,0	64,9	5,1	0,0	535,2	0,0	15,7	0,0	585,4	6,5	4,1	0,0	0,0
214	3,1	16,9	7,5	52,4	127,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	0,0	69,6	0,0	0,0	214,7	0,0	12,2	0,0	474,9	4,2	0,0	0,0	0,0
215	0,0	16,9	6,6	358,6	113,5	0,0	0,0	0,0	4,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	53,3	6,2	0,0	176,3	3,5	10,4	0,0	994,1	5,1	3,8	4,0	0,0
216	0,0	28,7	12,8	84,9	61,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	33,7	4,4	0,0	375,6	0,0	17,3	0,0	363,3	4,0	4,0	0,0	0,0
217	0,0	69,0	43,9	129,6	762,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	49,8	5,1	0,0	3395,0	0,0	93,2	0,0	770,8	9,5	6,9	0,0	0,0
218	0,0	101,2	20,3	100,3	373,9	0,0	0,0	0,0	0,0	6,0	0,0	0,0	3,5	0,0	0,0	0,0	85,9	4,6	0,0	3061,7	0,0	61,3	0,0	572,2	9,0	5,7	3,3	0,0
219	0,0	12,8	0,0	107,8	112,1	0,0	0,0	0,0	0,0	11,0	0,0	0,0	10,0	0,0	0,0	0,0	33,3	0,0	0,0	3103,2	0,0	56,1	0,0	992,6	6,7	8,9	2,7	0,0
220	0,0	13,3	0,0	94,0	102,1	0,0	0,0	0,0	0,0	7,2	0,0	0,0	9,9	0,0	0,0	0,0	24,8	0,0	1,5	2379,2	0,0	42,9	0,0	954,2	6,4	8,2	2,0	0,0

Tab. 7.2: fortgesetzt (28/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																												
Q-Nr.	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83
204	87,3	0,0	0,0	9,0	5,3	17,8	24,1	0,0	0,0	0,0	2,6	0,0	20,9	22,8	0,0	6,4	0,0	0,0	52,4	6,1	5,3	3,3	19,1	3,1	9,8	0,0	6,2	96,7
205	59,9	7,8	0,0	8,7	3,7	31,0	26,2	3,6	0,0	0,0	6,9	0,0	58,3	20,5	0,0	4,4	12,1	0,0	117,2	4,6	10,3	0,0	36,3	0,0	14,9	7,3	9,1	141,3
206	37,4	5,1	0,0	10,2	4,5	26,5	38,2	3,1	0,0	0,0	3,9	0,0	18,3	17,0	0,0	5,6	6,7	0,0	27,6	5,5	13,3	0,0	33,5	4,2	6,6	0,0	4,8	91,7
207	40,6	4,5	0,0	10,3	7,0	39,9	14,9	7,3	2,1	2,0	4,1	0,0	11,3	16,3	3,0	9,3	3,9	0,0	16,2	7,8	44,1	2,2	37,0	7,4	5,8	2,8	12,3	73,2
208	56,6	9,0	0,0	13,5	0,0	56,0	68,5	4,2	0,0	0,0	11,6	0,0	98,5	41,0	0,0	0,0	9,6	0,0	29,3	5,1	14,6	20,5	49,9	3,8	47,3	8,4	14,6	125,4
209	48,4	9,7	0,0	15,5	0,0	46,0	38,2	5,2	0,0	0,0	9,0	0,0	49,1	33,6	0,0	0,0	9,0	0,0	22,0	7,4	19,7	8,1	39,1	4,6	35,4	6,0	11,7	99,9
210	71,3	0,0	0,0	6,2	0,0	24,4	61,1	0,0	0,0	0,0	3,6	0,0	11,0	38,1	0,0	4,3	0,0	0,0	24,7	8,1	5,9	4,1	18,5	0,0	15,5	0,0	6,6	107,2
211	51,1	0,0	0,0	10,2	0,0	49,0	48,6	4,3	0,0	0,0	6,2	0,0	0,0	107,6	0,0	4,1	0,0	0,0	42,7	7,2	19,9	9,5	47,7	4,2	47,5	3,9	15,8	109,1
212	151,0	0,0	0,0	4,4	0,0	42,1	29,8	4,4	0,0	0,0	6,9	0,0	7,4	100,8	0,0	0,0	8,4	0,0	56,7	7,2	11,6	7,9	69,9	0,0	40,4	3,5	10,3	202,9
213	230,9	0,0	63,1	18,8	4,2	47,0	26,0	4,9	0,0	0,0	0,0	0,0	7,9	46,3	0,0	8,2	7,0	0,0	561,1	4,8	11,6	0,0	45,1	3,2	13,5	0,0	8,5	102,9
214	221,3	0,0	0,0	8,2	3,0	52,7	43,6	4,4	0,0	0,0	0,0	0,0	9,1	56,2	0,0	8,0	4,1	0,0	85,6	3,6	9,5	4,4	37,7	3,3	18,5	0,0	8,3	85,3
215	102,1	0,0	0,0	12,3	0,0	47,3	44,3	7,4	0,0	0,0	3,9	0,0	3,7	52,4	0,0	10,9	10,2	3,6	73,0	6,2	35,0	6,7	47,2	5,7	17,9	6,8	18,0	126,4
216	406,1	0,0	0,0	16,6	5,9	72,1	20,2	12,5	0,0	0,0	5,2	0,0	14,8	49,9	0,0	9,0	5,4	4,1	83,5	3,9	15,1	0,0	36,6	4,3	13,3	0,0	8,6	171,8
217	53,6	0,0	0,0	4,2	0,0	40,7	55,7	4,1	0,0	0,0	7,0	0,0	15,0	102,3	0,0	3,3	4,1	0,0	71,8	9,1	15,4	9,6	41,2	0,0	40,9	4,2	11,9	98,6
218	64,6	0,0	0,0	5,8	0,0	26,3	61,0	3,1	0,0	0,0	5,4	0,0	0,0	208,9	0,0	3,5	0,0	0,0	31,1	6,6	18,1	4,1	28,8	3,2	40,1	0,0	12,9	83,3
219	50,5	5,1	0,0	3,4	0,0	30,6	14,9	2,3	0,0	0,0	0,0	0,0	3,0	15,9	3,0	5,8	4,1	0,0	37,7	2,1	2,6	4,1	16,5	0,0	13,7	0,0	16,2	95,7
220	56,7	0,0	0,0	2,5	1,7	29,6	15,7	1,8	0,0	0,0	0,0	0,0	3,3	11,5	1,9	5,9	5,3	0,0	30,1	2,6	0,0	2,4	16,3	0,0	12,1	0,0	14,0	85,8

Tab. 7.2: fortgesetzt (29/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																													
Q-Nr.	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112
204	0,0	14,3	16,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	15,2	0,0	0,0	2,6	6,4	5,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	7,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
205	0,0	40,7	17,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,5	50,3	0,0	0,0	4,5	6,0	5,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	15,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
206	0,0	18,7	11,6	0,0	0,0	0,0	3,6	0,0	2,8	29,9	0,0	0,0	7,9	2,5	4,1	0,0	0,0	0,0	0,0	3,0	0,0	0,0	0,0	11,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
207	0,0	20,6	15,8	5,4	0,0	3,9	2,2	0,0	2,4	13,5	0,0	0,0	16,8	0,0	6,4	0,0	0,0	0,0	0,0	5,0	0,0	0,0	0,0	5,6	0,0	0,0	0,0	2,5	0,0
208	4,8	60,8	14,2	0,0	0,0	0,0	3,8	0,0	5,5	43,2	0,0	0,0	5,8	3,8	4,1	0,0	0,0	0,0	0,0	5,9	0,0	0,0	0,0	13,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
209	3,8	54,0	11,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	37,0	0,0	4,1	5,4	5,6	4,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	20,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
210	2,3	18,9	9,3	0,0	0,0	3,4	4,3	0,0	0,0	12,8	0,0	0,0	0,0	6,5	6,6	0,0	0,0	0,0	0,0	3,0	0,0	0,0	0,0	5,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
211	4,2	30,9	20,5	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0	3,7	13,0	0,0	7,4	4,6	6,0	7,4	0,0	0,0	0,0	0,0	10,7	0,0	0,0	0,0	10,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
212	4,3	28,1	19,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,2	25,2	0,0	6,8	0,0	0,0	4,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,9	0,0	0,0	0,0	12,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
213	0,0	26,8	18,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	22,4	0,0	4,7	3,9	0,0	6,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,0	0,0	0,0	0,0	8,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
214	0,0	24,1	19,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	15,4	0,0	0,0	0,0	3,5	6,3	0,0	0,0	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	0,0	3,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
215	0,0	25,6	45,2	0,0	0,0	4,7	3,9	0,0	4,0	32,5	0,0	0,0	7,9	4,8	8,1	0,0	0,0	0,0	0,0	10,9	0,0	0,0	0,0	9,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
216	0,0	21,2	15,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	23,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	9,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
217	3,5	40,1	14,1	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	3,4	23,7	0,0	7,3	3,3	3,4	4,2	0,0	0,0	0,0	0,0	6,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
218	4,1	18,2	11,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,1	9,7	0,0	20,6	0,0	4,9	4,4	0,0	0,0	0,0	0,0	8,8	0,0	0,0	5,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
219	0,0	2,1	21,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,6	13,9	0,0	8,2	0,0	5,3	6,4	0,0	0,0	0,0	0,0	2,1	0,0	0,0	3,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
220	2,3	0,0	19,9	0,0	0,0	0,0	1,8	0,0	2,5	11,0	1,6	12,7	0,0	5,0	6,1	0,0	0,0	0,0	0,0	1,9	0,0	0,0	3,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0

Tab. 7.2: fortgesetzt (30/30)

Substanz-Nr. (siehe Legende zu Tab. 7.2)																					
Q-Nr.	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133
204	0,0	0,0	0,0	3,5	0,0	0,0	86,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	182,3	0,0	0,0
205	0,0	0,0	0,0	46,7	0,0	0,0	1747,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	14,5	0,0	0,0
206	0,0	0,0	0,0	12,6	0,0	0,0	732,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
207	0,0	0,0	3,7	46,4	0,0	0,0	1256,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
208	0,0	0,0	0,0	14,8	0,0	0,0	1713,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	75,3	0,0	0,0
209	0,0	0,0	0,0	15,4	0,0	0,0	1565,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	10,7	0,0	0,0
210	0,0	0,0	0,0	3,3	0,0	0,0	301,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	97,5	0,0	0,0
211	0,0	0,0	0,0	10,4	0,0	0,0	393,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	303,2	0,0	0,0
212	0,0	0,0	0,0	25,1	0,0	0,0	519,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	153,9	0,0	0,0
213	0,0	0,0	0,0	19,8	0,0	0,0	611,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	56,6	0,0	0,0
214	0,0	0,0	0,0	11,8	0,0	0,0	362,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	159,7	0,0	0,0
215	0,0	0,0	0,0	13,7	0,0	0,0	621,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	118,5	0,0	0,0
216	0,0	0,0	0,0	34,9	0,0	0,0	1358,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	18,3	0,0	0,0
217	0,0	0,0	0,0	17,6	0,0	0,0	361,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	318,7	0,0	0,0
218	0,0	0,0	0,0	15,2	0,0	0,0	54,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	287,1	0,0	0,0
219	0,0	0,0	0,0	5,7	0,0	0,0	7,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,4	0,0	0,0
220	0,0	0,0	0,0	4,8	0,0	0,0	2,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0

Legende zu Tab. 7.2: Erklärungen zu den Spalten und Zeilenbenennungen in Tabelle 7.2

zur Zeilenbenennung von Tab. 7.2: Q-Nr. – PG-Nr. nach QLB'er Anbauplan (siehe Legende zu Tab. 7.1 und 7.5)

Folgende Tabelle erklärt die Spaltenbenennung von Tab. 7.2, wobei „≥ 75% PG“ - Substanzen mit Gehalten größer Null bei mindestens 75% der Prüfglieder beschreibt, welche grau unterlegt sind.

Sub- stanz- Nr.	Zeit 1	Zeit 2	Substanz	≥ 75% PG	Sub- stanz- Nr.	Zeit 1	Zeit 2	Substanz	≥ 75% PG
1	2,17	2,23	a1		68	24,87	24,97	(19)Caryophyllen	X
2	3,53	3,61	a2		69	25,09	25,25	(20)Terpinenol	X
3	5,58	5,67	a3	X	70	25,36	25,45	a70	
4	5,78	5,87	a4	X	71	25,55	25,77	(21)γ-Elementen	
5	5,92	6,01	a5		72	25,91	26,11	a72	
6	6,04	6,12	a6		73	26,23	26,30	a73	
7	6,43	6,53	a7	X	74	26,48	26,66	a74	X
8	8,26	8,33	a8		75	26,69	26,81	a75	X
9	8,40	8,51	(1)α-Pinen	X	76	26,87	26,98	a76	X
10	8,56	8,64	a10		77	27,02	27,12	a77	
11	8,77	8,87	a11		78	27,22	27,47	(22)β-Menthenol	X
12	9,74	9,94	(2)Camphene		79	27,52	27,66	a79	
13	10,17	10,26	a13		80	27,68	27,84	a80	X
14	10,41	10,66	(3)Hexanal	X	81	27,95	28,12	(23)Dimethylanisol	
15	10,68	10,79	a15		82	28,23	28,40	a82	X
16	11,12	11,49	(4)β-Pinen	X	83	28,52	28,72	IST (interner Standard)	
17	11,60	11,77	(5)Sabinen	X	84	28,74	28,91	a84	
18	12,16	12,34	a18		85	28,96	29,13	(25)Sesquiphellandren	X
19	12,56	12,67	a19		86	29,18	29,28	a86	X
20	12,79	12,89	a20		87	29,33	29,41	a87	
21	13,02	13,38	(6)β-Myrcen	X	88	29,43	29,54	a88	
22	13,54	13,68	a22	X	89	29,59	29,71	a89	
23	13,76	13,84	a23		90	29,84	29,93	a90	
24	14,16	14,39	(7)Limonen	X	91	29,99	30,06	a91	
25	14,47	14,73	(8)β-Phellandren	X	92	30,18	30,33	a92	
26	14,81	14,92	(9)(E)2Hexenal	X	93	30,41	30,61	(26)Cymenol	X
27	15,19	15,35	a27		94	30,83	30,91	a94	
28	15,38	15,46	a28		95	31,60	31,70	a95	X
29	15,61	15,73	a29	X	96	31,77	31,87	a96	
30	15,76	15,94	(10)γ-Terpinen	X	97	31,91	32,01	(27)β-Ionon	X
31	16,37	16,49	(11)cis-Ocimen	X	98	32,51	32,62	a98	X
32	16,74	16,87	(12)Terpinolen	X	99	32,71	32,78	a99	
33	16,92	17,03	a33		100	32,89	32,98	a100	
34	17,19	17,35	a34		101	32,98	33,05	a101	
35	17,61	17,71	a35		102	33,36	33,45	a102	
36	17,73	17,82	a36		103	33,50	33,68	(28)Carotol	X
37	17,84	17,93	a37		104	33,69	33,77	a104	
38	18,21	18,28	a38		105	33,84	33,95	a105	
39	18,41	18,48	a39		106	34,02	34,11	a106	
40	18,50	18,60	a40	X	107	34,15	34,25	a107	
41	18,82	18,90	a41		108	34,56	34,63	a108	
42	19,15	19,22	a42		109	35,33	35,42	a109	
43	19,28	19,35	a43		110	35,49	35,57	a110	
44	19,40	19,52	(13)(Z)3Hexenol	X	111	35,57	35,66	a111	
45	19,59	19,77	a45		112	36,38	36,45	a112	
46	19,80	19,88	a46		113	36,92	37,01	a113	
47	19,93	20,33	(14)Menthatrien	X	114	37,20	37,27	a114	
48	20,46	20,68	a48		115	37,52	37,66	(29)Elemecicin	
49	20,81	20,92	(15)Coumaran		116	37,81	37,93	a116	
50	20,99	21,06	a50		117	38,18	38,25	a117	
51	21,06	21,18	(16)Dimethylstyrol	X	118	38,45	38,54	a118	
52	21,27	21,48	a52	X	119	38,69	38,81	(30)Myristicin	X
53	21,75	21,97	a53	X	120	39,04	39,10	a120	
54	22,06	22,15	a54		121	39,31	39,38	a121	
55	22,30	22,39	a55		122	40,09	40,19	a122	
56	22,52	22,64	(17)Copaen	X	123	40,69	40,76	a123	
57	22,65	22,76	a57		124	40,81	40,88	a124	
58	22,87	23,01	a58		125	40,88	40,95	a125	
59	23,10	23,32	a59	X	126	41,01	41,08	a126	
60	23,35	23,47	a60		127	41,11	41,27	a127	
61	23,49	23,73	(18)Linalool	X	128	42,00	42,10	a128	
62	23,78	23,88	a62	X	129	42,10	42,19	a129	
63	24,07	24,17	a63		130	42,70	42,80	a130	
64	24,37	24,46	a64		131	43,96	44,15	(31)Apiol	
65	24,48	24,55	a65		132	45,52	45,63	a132	
66	24,58	24,74	a66		133	47,26	47,33	a133	
67	24,78	24,85	a67						

Tab. 7.3: Korrelationskoeffizienten (r_s) von Gehalten 42 ausgewählter VOCs zu bedeutenden Merkmalen im Versuch VPc07/31, aufsteigend geordnet nach Korrelation zu molekularen Distanzclustern

Substanzen mit Gehalten > 0 bei \geq 75 % der Prüfglieder*	molekulare Distanzcluster	Befall S. petroselinii QLB	Befall P. petroselinii QLB	Blattmerkmal kraus / glatt - GAT	Wurzelverdickung ja / nein - QLB	Wurzelverholzung ja / nein - QLB
(Z)3-Hexenol	-0,73	0,47	0,61	0,05	-0,28	0,30
Sesquiphellandren	-0,72	0,45	0,47	0,19	-0,42	0,42
p-Menthenol	-0,70	0,37	0,43	0,23	-0,40	0,40
Terpinenol	-0,67	0,40	0,59	-0,13	-0,35	0,36
a75	-0,59	0,42	0,49	0,03	-0,34	0,34
a76	-0,59	0,41	0,34	0,35	-0,27	0,26
(γ)-Terpinen	-0,58	0,44	0,38	0,01	-0,16	0,16
(β)-Phellandren	-0,40	0,23	0,17	0,14	-0,10	0,08
a59	-0,33	0,24	0,16	0,31	-0,13	0,12
Myristicin	-0,20	0,00	-0,11	0,40	0,05	-0,05
Copaen	-0,19	-0,08	0,08	0,06	0,02	0,02
Linalool	-0,19	-0,03	-0,01	0,18	0,11	-0,10
Carotol	-0,14	0,15	0,22	-0,24	0,03	-0,03
Cymenol	-0,10	0,09	-0,07	0,42	0,02	-0,07
a7	-0,08	-0,21	0,06	-0,11	0,14	-0,09
Sabinen	-0,05	0,02	-0,07	0,07	0,08	-0,11
Terpinolen	-0,04	0,03	0,09	-0,20	0,13	-0,13
a3	-0,03	0,24	0,09	-0,09	-0,18	0,17
a29	-0,01	0,01	0,07	-0,28	0,08	-0,07
a22	0,00	0,17	-0,02	-0,01	0,15	-0,16
(α)-Pinen	0,05	-0,06	-0,12	-0,04	0,09	-0,10
cis-Ocimen	0,06	0,04	-0,07	0,07	0,09	-0,12
(β)-Pinen	0,06	-0,07	-0,14	-0,04	0,11	-0,12
a74	0,08	-0,20	-0,02	-0,12	0,19	-0,21
a4	0,15	0,22	-0,04	0,11	0,08	-0,12
Coumaran	0,20	-0,04	-0,08	-0,33	0,05	-0,07
a80	0,24	-0,19	-0,18	-0,33	0,28	-0,28
a52	0,24	-0,12	-0,09	-0,31	0,13	-0,15
a98	0,25	-0,04	-0,14	0,11	0,19	-0,22
Limonen	0,26	-0,10	-0,20	-0,13	0,16	-0,19
Menthatrien	0,30	-0,13	-0,16	-0,32	0,14	-0,16
a62	0,32	-0,25	-0,22	-0,26	0,30	-0,29
a95	0,34	-0,19	-0,09	-0,42	0,26	-0,26
a86	0,41	-0,18	-0,28	0,08	0,26	-0,31
a53	0,45	-0,11	-0,26	-0,30	0,23	-0,25
(β)-Ionon	0,48	-0,16	-0,28	-0,16	0,26	-0,29
Hexanal	0,48	-0,27	-0,34	-0,12	0,45	-0,44
a82	0,49	-0,21	-0,36	-0,15	0,30	-0,33
Dimethylstyrol	0,54	-0,26	-0,37	-0,21	0,31	-0,34
a40	0,60	-0,35	-0,35	-0,10	0,23	-0,24
(β)-Myrcen	0,64	-0,39	-0,47	-0,27	0,39	-0,40
(E)2-Hexenal	0,74	-0,49	-0,50	-0,42	0,48	-0,46

*jeweils 3 VOCs, welche am stärksten und schwächsten zu jedem Merkmal korrelieren, sind grau unterlegt und fett gedruckt

Tab. 7.4: Übersicht der 20 für die genetische Distanzanalyse zu Versuch VPc07/31 verwendeten Sellerie-Akzessionen

Akzessions-Nr.	Botanischer Name	Name der Varietät	Ursprung	Abkürzung in Tabelle 7.8
AP 73_1	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Balena"	Bejo, NEL	S1
AP 73_2	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Balena"	Bejo, NEL	S2
AP 73_3	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Balena"	Bejo, NEL	S3
AP 73_4	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Balena"	Bejo, NEL	S4
AP 73_5	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Balena"	Bejo, NEL	S5
AP 74_1	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	Inzuchtlinie 1	ZGO-Q	S6
AP 74_2	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	Inzuchtlinie 1	ZGO-Q	S7
AP 74_3	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	Inzuchtlinie 1	ZGO-Q	S8
AP 74_4	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	Inzuchtlinie 1	ZGO-Q	S9
AP 75_1	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Prinz"	Hild, GER	S10
AP 75_2	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Prinz"	Hild, GER	S11
AP 75_3	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Prinz"	Hild, GER	S12
AP 75_4	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Prinz"	Hild, GER	S13
AP 75_5	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Prinz"	Hild, GER	S14
AP 76_1	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	Inzuchtlinie 2	ZGO-Q	S15
AP 76_2	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	Inzuchtlinie 2	ZGO-Q	S16
AP 76_3	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	Inzuchtlinie 2	ZGO-Q	S17
AP 76_4	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	Inzuchtlinie 2	ZGO-Q	S18
AP 76_5	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	Inzuchtlinie 2	ZGO-Q	S19
AP 77_1	<i>A. graveolens</i> var. <i>rapaceum</i>	"Brilliant"	Bejo, NEL	S20

Tab. 7.5: Akzessionen im Versuch VPc07/31 mit Angaben zu infraspezifischen Taxa, Herkünften, Wirt-Parasit-Interaktionen, Morphologie und Einordnung in methodisch sowie analytisch unterschiedliche Cluster, aufsteigend sortiert nach Rang in Abbildung 3.4 (1/6) (s. Legende zu Tab. 7.1+7.5)

17	Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	18	19	20
1	1	223	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	3	0	7	0	3	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
2	56	57	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
3	2	222	var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	3	0	0	0	0	3	3	0	0	1	1	1	a	Q1
4	23	24	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	7	0	0	0	0	0	5	2	2	0	0	1	1	1	a	Q1
5	24	25	var. <i>crispum</i>	"Gärtnerstolz"	/	nein	0	7	0	n.a.	0	1	0	n.a.	4	3	0	n.a.	1	n.a.	1	a	Q1
6	188	201	var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	5	0	0	0	5	n.b.	2	0	0	1	1	1	a	Q1
7	7	7	var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	3	0	1	0	5	0	1	n.b.	3	0	0	1	1	1	a	Q1
8	201	220	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	7	0	0	0	0	0	1	2	2	0	0	1	1	1	a	Q1
9	206	P07/510	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	5	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
10	152	161	var. <i>crispum</i>	"Parana"	/	nein	0	5	0	5	0	5	0	3	n.b.	3	0	0	1	1	1	a	Q1
11	207	P07/619	var. <i>crispum</i>	NEL, Sorte "Thujade"	/	nein	0	3	0	3	0	3	0	5	3	2	0	0	1	1	1	a	Q1
12	10	10	var. <i>crispum</i>	"Kaderava"	/	nein	0	5	0	3	0	1	0	5	n.b.	3	0	0	1	1	1	a	Q1
13	13	14	var. <i>crispum</i>	"Mohafodrozatu"	/	nein	0	7	0	3	0	3	0	5	3	2	0	0	1	1	1	a	Q1
14	216	P07/794	var. <i>crispum</i>	"chinesische petersilie aus mexiko"	/	nein	0	5	0	3	0	3	0	5	n.b.	3	0	0	1	1	1	a	Q1
15	155	165	var. <i>crispum</i>	"Parus"	/	nein	0	5	0	5	0	5	0	3	n.b.	3	0	0	1	1	1	a	Q1
16	148	157	var. <i>crispum</i> mit Tendenz zu var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Paramount"	/	nein	0	7	0	0	0	1	0	3	n.b.	3	0	0	1	1	1	a	Q1
17	205	P07/606	var. <i>crispum</i>	Sorte, unbekannt	/	nein	0	5	0	3	0	5	0	5	n.b.	3	0	0	1	1	1	a	Q1
18	63	66	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	IRQ	ja	0	7	0	n.a.	0	5	0	n.a.	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
19	176	187	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E	ja	0	3	0	3	0	0	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
20	182	194	var. <i>crispum</i>	"Grüne Perle"	/	nein	0	3	0	1	0	3	0	3	3	3	0	0	1	1	1	a	Q1
21	183	195	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	1	0	5	0	3	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
22	187	199	var. <i>crispum</i>	keine	F	ja	1	7	0	5	0	0	0	5	n.b.	3	0	0	1	1	1	a	Q1
23	57	60	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	0	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
24	213	P07/791	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"crespo"	/	nein	0	3	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
25	30	31	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	5	0	3	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
26	66	69	var. <i>crispum</i> mit Tendenz zu var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Riccio Muschiato"	/	nein	0	5	0	1	0	5	0	3	2	2	0	1	1	1	1	a	Q1
27	203	P07/801	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E*	ja	1	3	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
28	72	75	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	3	0	7	0	7	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
29	16	17	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	1	0	0	1	0	1	a	Q1
30	181	193	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	F	ja	0	3	0	1	0	3	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
31	153	162	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Festival 68"	/	nein	0	5	0	3	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
32	202	P07/800	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E	ja	0	3	0	5	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
33	180	192	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	F	ja	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
34	154	163	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Glattblättrige"	/	nein	0	5	0	3	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
35	210	P07/788	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	5	0	5	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
36	194	211	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"LOCAL"	/	nein	0	1	0	3	0	3	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
37	215	P07/793	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"apio"	/	nein	0	5	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
38	17	18	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Festival"	/	nein	0	7	0	3	0	1	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
39	74	77 A	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	3	5	0	1	0	5	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
40	193	210	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1

Tab. 7.5: fortgesetzt (2/6)

17	Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	18	19	20
41	18	19	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	5	0	0	0	7	0	7	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
42	52	53	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	1	0	5	0	3	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
43	191	208	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	3	0	3	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
44	192	209	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	5	0	1	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
45	165	176	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	1	7	0	5	0	1	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
46	168	179	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	3	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
47	186	198	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	3	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
48	190	207	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	5	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
49	209	P07/787	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	7	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
50	54	55	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	I	ja	0	7	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	1	1	1	a	Q1
51	199	216	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
52	58	61	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	n.a.	0	0	1	1	1	a	Q1
53	93	99	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
54	103	109	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Genovese"	/	nein	0	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
55	211	P07/789	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	3	0	3	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
56	31	32	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Festival 68"	/	nein	0	5	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
57	41	42	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
58	81	84	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
59	204	P07/802	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E**	ja	0	5	0	5	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	n.a.	Q1
60	212	P07/790	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
61	79	82	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	0	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
62	214	P07/792	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"perenil"	/	nein	0	5	0	5	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
63	140	148	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	1	a	Q1
64	76	79	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	7	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
65	77	80	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	7	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
66	78	81	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
67	164	175	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	3	5	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
68	46	47	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	5	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
69	47	48	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	1	b	Q1
70	83	87	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	0	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
71	198	215	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
72	94	100	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
73	107	114	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
74	208	P07/786	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	5	0	3	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
75	113	120	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
76	111	118	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
77	112	119	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	3	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
78	114	121	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	7	0	1	0	5	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
79	27	28	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	3	0	1	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
80	217	P07/795	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"ziso"	/	nein	0	3	0	5	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1

Tab. 7.5: fortgesetzt (3/6)

17	Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	18	19	20
81	142	150	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	MA	ja	0	7	0	1	0	8	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
82	143	151	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	P	ja	0	5	0	0	0	7	0	3	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
83	70	73	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	3	5	0	1	0	3	0	1	1	0	0	1	1	1	1	a	Q1
84	85	89	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	5	0	7	0	8	n.b.	n.a.	0	0	1	1	1	a	Q1
85	177	188	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E	ja	1	7	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
86	106	113	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	0	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
87	189	202	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	keine	/	nein	0	3	0	7	0	3	0	7	n.b.	2	0	0	1	1	1	a	Q1
88	173	184	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
89	92	98	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
90	174	185	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
91	95	101	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	1	0	3	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
92	172	183	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	5	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
93	105	111	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	1	0	3	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
94	200	217	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
95	184	196	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	7	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
96	110	117	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	5	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
97	51	52	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	3	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
98	73	76	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	n.a.	0	7	0	n.a.	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
99	80	83	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	7	0	1	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
100	196	213	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	3	0	1	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
101	84	88	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
102	101	107	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	1	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
103	169	180	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	5	0	3	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
104	149	158	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	1	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
105	160	171	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	3	0	0	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
106	86	90	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	0	0	8	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	n.a.	Q1
107	87	91	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	1	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
108	147	156	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
109	88	92	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
110	141	149	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
111	218	P07/796	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"herbo"	/	nein	0	3	0	5	0	7	0	7	n.b.	1	1	0	1	1	1	a	Q1
112	89	94	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	1	n.a.	Q1
113	185	197	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	1	5	0	7	0	5	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
114	39	40	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	LAR	ja	0	5	0	3	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
115	100	106	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	3	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
116	129	137	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	HR	ja	0	7	0	3	0	0	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
117	62	65	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	IRQ	ja	0	7	0	0	0	3	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
118	139	147	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	0	5	0	3	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
119	99	105	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	7	0	1	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1

Tab. 7.5: fortgesetzt (4/6)

17	Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	18	19	20
120	45	46	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Prezzemolo Gigante"	I	ja	0	3	0	3	0	7	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
121	171	182	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	5	0	5	0	7	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
122	59	62	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Comune d'Italia"	/	nein	0	5	0	n.a.	0	8	0	n.a.	1	n.a.	0	0	1	1	1	a	Q1
123	115	122	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	1	0	3	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
124	53	54	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	1	0	5	0	1	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
125	116	123	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	1	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
126	75	77 B	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	3	7	0	3	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	1	a	Q1
127	55	56	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	7	0	0	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
128	67	70	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	b	Q1
129	64	67	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	b	Q1
130	61	64	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	7	0	0	0	7	0	5	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
131	97	103	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	5	0	3	1	1	0	0	1	1	1	a	Q1
132	118	125	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	AL	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	1	b	Q1
133	3	1	var. <i>tuberosum</i>	"Kurze Dicke Zucker"	/	nein	0	3	0	1	0	3	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
134	35	36	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
135	14	15	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	"Mesten"	/	nein	0	3	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	2	b	Q2
136	8	8	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>tuberosum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	3	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
137	21	22	var. <i>tuberosum</i>	"Korenoviden"	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	2	b	Q2
138	22	23	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	SK	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	2	b	Q2
139	33	34	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	0	1	1	2	b	Q2
140	11	12	var. <i>tuberosum</i>	"Dobra"	/	nein	0	3	0	1	0	3	0	1	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
141	12	13	var. <i>tuberosum</i>	"Hanacka"	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
142	144	153	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
143	37	38	var. <i>tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	1	0	0	0	1	0	1	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
144	38	39	var. <i>tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
145	44	45	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
146	9	9	var. <i>tuberosum</i>	"Prerovska Polodlouha"	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
147	19	20	var. <i>tuberosum</i>	"Urozajnaja"	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	2	b	Q2
148	20	21	var. <i>tuberosum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	2	b	Q2
149	69	72	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	2	b	Q2
150	6	6	var. <i>tuberosum</i>	"Stupicka Polodlouha"	/	nein	0	3	0	0	0	7	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
151	26	27	var. <i>tuberosum</i>	"Halblange"	/	nein	0	3	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	2	b	Q2
152	178	189	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	E	ja	0	7	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
153	29	30	var. <i>tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	5	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	2	b	Q2
154	32	33	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	2	b	Q2
155	40	41	var. <i>tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
156	145	154	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
157	166	177	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
158	167	178	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	1	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
159	158	169	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
160	170	181	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	1	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2

Tab. 7.5: fortgesetzt (5/6)

17	Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	18	19	20
161	179	191	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	2	b	Q2
162	5	4	<i>var. tuberosum</i>	"Olomoucka Dlouha"	/	nein	0	5	0	5	0	7	0	5	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
163	127	135	<i>var. tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	0	0	0	0	1	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
164	157	168	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
165	42	43	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	5	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
166	162	173	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	3	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
167	135	143	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	0	0	1	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
168	43	44	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
169	151	160	<i>var. tuberosum</i>	keine	/	nein	0	1	0	0	0	3	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
170	197	214	<i>var. tuberosum</i>	"HALBLANGE"	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
171	219	P07/797	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	0	0	5	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
172	136	144	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	5	0	1	0	3	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
173	163	174	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	3	5	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
174	4	3	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	/	nein	0	3	0	1	0	1	0	0	n.b.	n.a.	0	0	1	1	2	b	Q2
175	25	26	<i>var. tuberosum</i>	keine	SK	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	2	b	Q2
176	124	132	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	ROM	ja	0	1	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
177	126	134	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i> mit Tendenz zu <i>var. tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
178	130	138	<i>var. tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
179	156	167	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
180	15	16	<i>var. tuberosum</i>	"Hosszú"	/	nein	0	0	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
181	90	95	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	3	7	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
182	122	129	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	AL	ja	0	3	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
183	96	102	<i>var. tuberosum</i>	keine	/	nein	0	5	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
184	98	104	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i> mit Tendenz zu <i>var. tuberosum</i>	keine	/	nein	0	3	0	n.a.	0	0	0	n.a.	1	n.a.	0	n.a.	1	n.a.	2	n.a.	Q2
185	34	35	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	1	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
186	132	140	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
187	195	212	<i>var. tuberosum</i>	"SAHARNAJA"	/	nein	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
188	123	131	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	ROM	ja	0	1	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
189	125	133	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	AL	ja	0	1	0	0	0	0	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
190	128	136	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	HR	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
191	159	170	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
192	36	37	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	1	0	0	0	5	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
193	133	141	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	1	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
194	121	128	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	1	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
195	138	146	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	1	0	5	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
196	220	P07/785	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
197	134	142	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	3	0	1	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
198	102	108	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
199	161	172	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	BG	ja	0	1	0	1	0	1	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
200	68	71	<i>var. vulgare</i> / <i>var. neapolitanicum</i>	keine	G	ja	1	7	0	0	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	2	a	Q2

Tab. 7.5: fortgesetzt (6/6)

17	Q-Nr.	PET	infraspezifisches Taxon	Bezeichnung d. Akzession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	18	19	20
201	131	139	<i>var. tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	1	0	3	0	3	0	1	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
202	146	155	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	5	0	0	0	7	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
203	119	126	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	AL	ja	0	3	0	0	0	1	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
204	104	110	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	5	0	1	0	0	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
205	150	159	<i>var. tuberosum</i>	keine	HR	ja	0	1	0	0	0	0	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
206	82	85	<i>var. tuberosum</i>	keine	/	nein	0	3	0	0	0	1	0	0	n.b.	1	1	1	0	0	2	b	Q2
207	49	50	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	LAR	ja	0	7	0	3	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
208	50	51	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	LAR	ja	0	7	0	1	0	0	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
209	71	74	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	2	b	Q2
210	48	49	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	1	0	1	0	3	0	0	n.b.	1	0	0	1	1	2	a	Q2
211	120	127	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	5	0	0	0	1	0	1	n.b.	1	n.a.	0	n.a.	0	2	b	Q2
212	108	115	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	3	0	5	0	1	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
213	28	29	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	G	ja	0	3	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	2	n.a.	Q2
214	65	68	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	8	0	3	0	5	0	5	1	1	0	0	1	1	2	a	Q2
215	109	116	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	SYR	ja	0	5	0	3	0	5	0	3	n.b.	1	0	0	1	1	2	b	Q2
216	60	63	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	0	3	0	n.a.	0	0	0	n.a.	1	n.a.	0	0	1	1	2	b	Q2
217	91	97	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	I	ja	3	5	0	3	0	3	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	2	a	Q2
218	117	124	<i>var. crispum</i>	"Paramount"	/	nein	0	7	0	3	0	5	0	1	n.b.	3	0	0	1	1	2	a	Q2
219	137	145	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	TN	ja	0	5	0	3	0	7	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	2	a	Q2
n.a.	175	186	<i>var. vulgare / var. neapolitanicum</i>	keine	/	nein	5	3	0	5	0	3	0	5	n.b.	1	0	0	1	1	n.a.	a	n.a.

Tab. 7.6: Petersilien-Akzessionen des Versuchs VPc07/31 mit höchstens 80 % Wahrscheinlichkeit für die jeweils zugeordnete Untergruppe, basierend auf Kalkulationen mit der Software structure

Akzession mit QLB'er VPc07/31/...-Anbau-Nr.	Akzession mit Gaterslebener PET-Nummer	Wahrscheinlichkeit für Untergruppe Q1 in %	Wahrscheinlichkeit für Untergruppe Q2 in %
28	PET 029	20,80	79,2
60	PET 063	28,4	71,6
61	PET 064	74,6	25,4
64	PET 067	79,6	20,4
97	PET 103	78,1	21,9
117	PET 124	30,00	70,00
118	PET 125	76,7	23,3
137	PET 145	45,7	54,3

Tab. 7.7: Molekulare Marker mit Primerbezeichnungen beziehungsweise selektiver Sequenz und Fragmentgrößen in bp aus VPc07/31, nach Methodik sortiert

Molekulare Marker-Nr.	Marker mit Primernamen bzw. selektiver Sequenz und Fragmentgrößen in bp, nach Methodik sortiert*	Molekulare Marker-Nr.	Marker mit Primernamen bzw. selektiver Sequenz und Fragmentgrößen in bp, nach Methodik sortiert*	Molekulare Marker-Nr.	Marker mit Primernamen bzw. selektiver Sequenz und Fragmentgrößen in bp, nach Methodik sortiert*
	RAPD-Methodik	69	OPA15+OPA16-190	138	me3+em1-1050
1	OPA02-810	70	OPA15+OPA16-361	139	me3+em7-460
2	OPA03-413	71	OPA15+OPA16-450	140	me3+em7-485
3	OPA03-578	72	OPA15+OPA16-1040	141	me3+em7-645
4	OPA03-590	73	OPA15+OPA16-1320		AFLP-Methodik
5	OPA03-675	74	OPA17+OPA18-274	142	EATT/MCAT-119
6	OPA03-700	75	OPA17+OPA18-379	143	EATT/MCAT-182
7	OPA03-760	76	OPA17+OPA18-390	144	EATT/MCAT-207
8	OPA03-773	77	OPA17+OPA18-449	145	EATT/MCAT-239
9	OPA03-870	78	OPA17+OPA18-568	146	EATT/MCAT-241
10	OPA03-898	79	OPA17+OPA18-602	147	EATT/MCAT-260
11	OPA03-1300	80	OPA17+OPA18-644	148	EATT/MCAT-266
12	OPA07-316	81	OPA17+OPA18-655	149	EATT/MCAT-270
13	OPA07-350	82	OPA17+OPA18-677	150	EATT/MCAT-299
14	OPA07-545	83	OPA17+OPA18-702	151	EATT/MCAT-303
15	OPA07-810	84	OPA17+OPA18-780	152	EATT/MCCC-144
16	OPB01-715	85	OPA17+OPA18-840	153	EATT/MCCC-158
17	OPB01-790	86	OPA17+OPA18-855	154	EATT/MCCC-167
18	OPB01-1025	87	OPA19+OPA20-798	155	EATT/MCCC-172
19	OPB01-1850	88	OPA19+OPA20-895	156	EATT/MCCC-178
20	OPB04-489		SRAP-Methodik	157	EATT/MCCC-192
21	OPB04-614	89	me1+em2-362	158	EATT/MCCC-204
22	OPB04-1800	90	me1+em2-402	159	EATT/MCCC-206
	dpRAPD-Methodik	91	me1+em2-423	160	EATT/MCCC-241
23	OPA01+OPA02-268	92	me1+em2-595	161	EATT/MCCC-263
24	OPA01+OPA02-290	93	me1+em2-859	162	EATT/MCCC-300
25	OPA01+OPA02-397	94	me1+em3-264	163	EATT/MCCC-57
26	OPA01+OPA02-464	95	me1+em3-274	164	EATT/MCCC-60
27	OPA01+OPA02-521	96	me1+em3-280	165	EATT/MCCC-73
28	OPA01+OPA02-820	97	me1+em3-285	166	EATT/MCCC-109
29	OPA03+OPA04-130	98	me1+em3-295	167	EATT/MCCC-138
30	OPA03+OPA04-138	99	me1+em3-356	168	EATT/MCCC-151
31	OPA03+OPA04-210	100	me1+em3-435	169	EATT/MCCC-177
32	OPA03+OPA04-265	101	me1+em3-920	170	EATT/MCCC-183
33	OPA03+OPA04-281	102	me1+em3-930	171	EATT/MCCG-127
34	OPA03+OPA04-560	103	me1+em3-1300	172	EATT/MCCG-134
35	OPA03+OPA04-710	104	me1+em4-494	173	EATT/MCCG-152
36	OPA05+OPA06-182	105	me1+em4-619	174	EATT/MCCG-156
37	OPA05+OPA06-242	106	me1+em4-628	175	EATT/MCCG-157
38	OPA05+OPA06-248	107	me1+em4-773	176	EATT/MCCG-163
39	OPA05+OPA06-342	108	me1+em4-1160	177	EATT/MCCG-169
40	OPA05+OPA06-355	109	me1+em5-283	178	EATT/MCCG-239
41	OPA05+OPA06-446	110	me1+em5-287	179	EATT/MCCG-245
42	OPA05+OPA06-447	111	me1+em5-472	180	EATT/MCCG-248
43	OPA07+OPA08-191	112	me1+em5-552	181	EATT/MCCG-263
44	OPA07+OPA08-230	113	me1+em6-281	182	EATT/MCCG-281
45	OPA07+OPA08-244	114	me1+em6-293	183	EATT/MCCT-63
46	OPA07+OPA08-254	115	me1+em6-361	184	EATT/MCCT-74
47	OPA09+OPA10-156	116	me1+em6-437	185	EATT/MCCT-84
48	OPA09+OPA10-157	117	me1+em6-496	186	EATT/MCCT-86
49	OPA09+OPA10-297	118	me1+em6-563	187	EATT/MCCT-107
50	OPA09+OPA10-450	119	me1+em6-773	188	EATT/MCCT-108
51	OPA09+OPA10-605	120	me1+em6-805	189	EATT/MCCT-138
52	OPA09+OPA10-622	121	me1+em15-355	190	EATT/MCCT-147
53	OPA09+OPA10-715	122	me1+em15-465	191	EATT/MCCT-151
54	OPA09+OPA10-731	123	me1+em15-566	192	EATT/MCCG-58
55	OPA09+OPA10-815	124	me1+em15-895	193	EATT/MCCG-145
56	OPA09+OPA10-905	125	me1+em17-237	194	EATT/MCCG-212
57	OPA09+OPA10-1080	126	me1+em17-310	195	EATT/MCCG-258
58	OPA11+OPA12-444	127	me1+em17-538	196	EAAT/MCCT-74
59	OPA11+OPA12-581	128	me1+em17-910	197	EAAT/MCCT-94
60	OPA11+OPA12-635	129	me2+em17-540	198	EAAT/MCCT-97
61	OPA11+OPA12-650	130	me2+em17-905	199	EAAT/MCCT-100
62	OPA11+OPA12-880	131	me2+em18-446	200	EAAT/MCCT-104
63	OPA11+OPA12-960	132	me2+em18-647	201	EAAT/MCCT-136
64	OPA11+OPA12-1160	133	me2+em18-671	202	EAAT/MCCT-140
65	OPA13+OPA14-500	134	me2+em18-737	203	EAAT/MCCT-190
66	OPA13+OPA14-700	135	me2+em18-815	204	EAAT/MCCT-204
67	OPA13+OPA14-750	136	me3+em1-485	205	EAAT/MCCT-216
68	OPA13+OPA14-1010	137	me3+em1-642		

*molekulare Marker mit einer "minor allele frequency" < 5% sind grau unterlegt

Tab. 7.8: fortgesetzt (3/35)

QLB'er PG-Nummern der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%	
Marker-Nr.	77 S7 78 79 80 81 82 83 84 85 86 87 88 S8 89 90 91 92 93 94 95 96 97 98 99 S9 100 101 102 103 104 105 106 107 108 109 110
1	0 u u 0 1 1 1 0 1 1 1 u u u u 1 1 u 1 0 1 0 1 0 1 1 u 1 u u 0 1 0 0 0 u 1 1 0
2	0 u 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 u u u 1 0 0 0 0 1 0 1 0 1 u u u u u u u u u u u u u
3	1 u 1 1 1 1 0 1 1 1 1 1 1 1 1 1 u u u 0 1 1 1 1 0 1 0 1 u 1 1 0 1 0 0 1 1 u 0 u
4	1 u 1 1 1 1 0 1 1 1 1 1 1 1 1 u u u 0 1 1 1 1 0 1 0 1 0 1 u 1 1 0 1 0 0 1 1 u 1 u
5	1 u 1 1 1 1 0 1 1 1 1 1 1 u u u u 0 1 1 1 1 0 1 0 1 0 1 u 1 1 0 1 0 0 1 1 u 0 1
6	0 u 0 0 0 0 1 0 1 0 0 0 0 1 u u u u 1 0 0 0 0 1 u 1 u u 0 0 1 0 1 u u u u 1 u 1 u
7	1 u 1 0 0 0 1 u 0 0 0 0 0 u u u u 1 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 u u u u u u u u u u u
8	1 u 1 1 1 1 0 1 1 0 1 1 1 1 u u u u 1 1 1 1 0 1 0 1 0 1 0 1 u 1 1 0 1 0 1 1 1 0 1
9	0 u 0 0 0 1 1 0 1 0 1 1 1 1 u u u u 1 1 1 0 1 u u u 1 1 u 1 1 u 1 u u 0 u u 1 u 1
10	1 u 1 1 0 0 0 1 1 0 0 0 1 u u u u 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 u 1 0 0 1 0 0 1 1 u 0 1
11	u u u u u u u u u u u u u u u 1 0 0 0 0 u u 1 1 u u u u 1 0 1 u 0 0 u 0 u 1 u
12	1 u 0 0 0 1 1 0 0 u 1 0 u 0 u u u u u 0 0 0 1 1 u 0 0 0 0 1 1 u 0 0 0 1 0 0 0 0 0
13	u u 0 1 0 0 u 1 0 1 1 u u u 0 0 0 1 1 0 1 0 1 0 1 0 1 u 0 0 0 0 0 1 1 0 0 0 1
14	u u u u u u u u u u u u u u u 0 0 1 0 0 0 1 0 0 0 1 0 0 0 u u 0 0 1 0 1 0 0 0 1 1 0
15	u u u u u u u u u u u u u u u 0 1 1 0 1 1 0 1 0 1 1 u u 0 1 0 1 0 0 0 1 1 0
16	1 u 1 1 1 1 u 1 1 1 1 1 1 u 1 0 0 1 1 1 1 0 0 0 1 u 1 1 0 1 0 1 0 1 1 u u u
17	u u u u u u u u u u u u u u u 0 1 1 u 0 0 1 1 u 1 u u u u 1 1 0 1 1 0 1 1 0 0 1
18	0 u 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 u 0 1 1 u 0 0 0 1 u 1 u u 0 0 1 0 0 0 0 0 0 u 1 1 0
19	0 u 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 u 0 1 0 0 0 0 0 1 0 1 0 0 0 1 u u 0 0 0 1 u u 0 1 u u
20	0 u 0 0 0 0 0 0 u u u u u 0 0 u 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 u 0 0 1 u 1 u u u 1 1 1
21	1 u 1 u 1 u 0 1 1 1 1 u 0 u 1 0 0 1 1 1 1 0 1 0 0 u 1 1 u u u u u u u u u u
22	1 u 1 1 1 0 0 1 u u u 1 u u u 1 0 0 1 1 1 1 0 1 0 1 0 0 u 0 0 1 u 1 1 1 0 0 0 0
23	1 u 1 0 1 1 0 1 1 0 0 0 0 u 1 0 0 0 1 1 1 0 1 0 1 0 1 u u 1 0 1 0 1 u 1 0 0 1
24	1 u 1 0 1 1 0 1 1 0 0 0 0 u 1 0 0 0 1 0 1 0 1 0 0 0 0 u 1 0 0 1 0 1 u 1 1 1 0
25	u u 0 0 1 0 1 u 0 0 0 0 0 u 0 1 1 0 0 1 0 1 0 1 0 1 0 1 u 1 0 1 0 1 0 0 0 1 0
26	u u 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 u 0 1 0 0 0 0 1 1 0 1 u u 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 1 0
27	1 u 1 1 1 1 0 1 1 1 0 0 1 u 1 0 0 1 1 1 1 0 1 0 1 0 1 u 1 1 0 1 0 0 1 1 0 1
28	0 u 0 0 1 1 1 0 0 1 1 0 0 u 0 1 1 0 0 1 0 1 1 1 1 0 1 1 1 u 1 0 1 0 1 0 0 1 0
29	u u u u u u u u u u u u u u u 0 0 0 1 1 1 1 0 1 0 1 u 0 1 0 u 0 1 1 1 0 0 1
30	u u u u u u u u u u u u u u u 0 1 1 0 0 0 1 0 1 0 1 u u 0 0 u 0 0 0 0 1 1 0
31	u u u u u u u u u u u u u u u 0 0 0 1 1 1 1 0 0 0 1 u 0 1 0 u 0 1 1 1 0 1 1
32	u u u u u u u u u u u u u u u 0 0 0 1 1 1 1 0 1 0 1 u 0 1 0 u 0 1 1 1 0 0 1
33	0 u u u u u u u u u u 0 0 0 0 0 u 0 1 1 0 0 0 1 0 1 0 1 0 u 0 0 0 1 0 0 0 0 1 0
34	u u u u u u u u u u u u u u u 0 1 1 0 0 0 0 0 1 0 1 0 0 u 0 0 1 u 1 0 0 0 1 1 0
35	0 u u u u u u u u u 0 0 0 0 0 u 0 1 1 0 0 0 1 1 1 1 u 0 0 1 u 1 0 1 0 1 1 0
36	1 u 1 1 1 1 1 1 0 1 1 1 1 u 1 0 0 1 1 1 1 0 1 0 1 u 1 1 0 1 0 1 1 1 1 0 u
37	0 u 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 u 0 0 1 1 1 0 0 1 0 0 1 0 0 u 0 1 0 1 0 0 0 0 u
38	u u u u u u u u u u u u u u u 1 0 0 1 1 1 1 u 1 1 1 u 1 1 0 1 0 1 1 1 0 u
39	0 u 0 1 u u 0 0 0 0 0 0 u 1 1 u 0 0 0 0 0 u 1 0 u 1 0 1 0 1 1 0 0 0 0 1 u
40	1 u 1 0 1 1 1 0 0 1 1 1 1 u 1 0 0 1 1 1 1 0 u u 0 1 u 1 1 0 1 0 1 1 1 0 u
41	0 u 0 0 0 1 1 1 0 0 0 0 u 0 1 1 0 0 0 0 1 0 1 0 1 0 1 0 u 0 0 1 0 0 1 u
42	1 u 1 1 0 1 1 0 0 1 1 1 0 u 1 0 0 0 1 1 0 0 0 0 1 0 0 0 1 u 1 1 0 1 0 0 u
43	u u 0 1 1 1 0 1 1 1 0 1 u u u 0 1 1 u 1 u u u 1 u 0 1 0 1 0 1 1 1 0 0 1
44	u u u 1 1 1 0 1 1 1 1 u 1 u 1 0 1 1 1 1 0 u u u 1 u 1 1 0 1 0 1 1 1 1 1
45	u u 0 0 0 0 0 0 0 1 0 1 u u u u u 0 1 0 0 1 u u u 0 u 0 0 0 1 0 1 0 1 0 0
46	u u u u 0 1 0 1 1 u 0 u u u u u 0 0 1 0 0 0 u u 1 u 1 1 0 1 0 0 0 u 0 0
47	0 u 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 1 u 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 u 0 u 0 u 0 0 0
48	1 u u 1 1 1 1 1 1 1 1 0 0 u 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 u 1 1 1 1 1 1 1 1

Tab. 7.8: fortgesetzt (7/35)

Marker-Nr.	QLB'er PG-Nr. der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%																		
	204	205	206	207	208	209	210	S19	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	S20
1	u	u	u	u	u	u	u	u	0	1	u	0	u	u	0	u	1	1	u
2	0	0	0	0	0	0	0	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
3	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
4	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
5	u	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
6	1	1	0	1	1	1	u	u	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	u
7	0	0	0	0	0	1	0	u	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	u
8	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	u	u
9	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
10	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
11	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
12	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
13	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
14	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
15	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
16	0	1	1	1	1	0	1	u	0	0	1	1	1	u	u	u	0	u	u
17	1	0	0	0	0	0	0	u	0	1	u	0	1	0	1	1	1	1	u
18	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
19	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u
20	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
21	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
22	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	0	0	1	u	u
23	1	0	1	0	u	1	1	u	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	u
24	1	1	1	0	1	0	1	u	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	u
25	0	0	0	0	1	1	u	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u
26	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u
27	1	1	1	1	1	1	1	u	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	u
28	1	0	0	0	0	0	0	u	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	u
29	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
30	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u
31	1	1	0	0	1	1	u	u	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	u
32	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
33	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u
34	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u
35	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u
36	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
37	1	0	0	0	0	0	0	u	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	u
38	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
39	0	1	1	u	0	0	0	u	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	u
40	u	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	u
41	u	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	u	1	1	u
42	u	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	1	u	u
43	1	1	1	1	u	1	u	u	1	1	1	1	1	1	1	u	u	0	u
44	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
45	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
46	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
47	1	1	0	0	0	0	0	u	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	u
48	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	u

Tab. 7.8: fortgesetzt (14/35)

Marker-Nr.	QLB'er PG-Nr. der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%																		
	204	205	206	207	208	209	210	S19	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	S20
49	0	0	0	0	1	0	0	u	u	0	0	0	u	u	u	0	1	u	
50	u	0	1	1	1	1	1	u	u	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
51	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u	
52	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
53	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	u	1	1	1	1	1	0	0	u
54	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u	
55	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u	
56	0	0	0	0	0	0	0	u	0	1	0	0	0	0	0	1	1	u	
57	u	u	1	1	1	1	1	u	u	0	1	1	1	1	1	0	0	u	
58	0	0	0	0	0	0	0	u	0	u	u	0	0	0	u	1	1	u	
59	1	1	1	1	1	1	1	u	1	u	1	1	1	1	1	1	0	0	u
60	1	1	1	1	1	1	1	u	1	u	1	1	1	1	1	0	0	u	
61	0	0	0	0	0	0	0	u	0	u	0	0	0	0	0	1	1	u	
62	1	1	1	1	1	1	1	u	1	u	1	1	1	1	1	u	0	0	u
63	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	1	1	u
64	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
65	1	1	1	1	1	1	1	u	u	1	1	1	1	1	1	1	0	u	u
66	1	1	0	0	1	u	1	u	u	1	0	0	1	0	1	0	1	u	u
67	1	u	1	1	0	u	0	u	u	0	1	0	0	1	u	0	0	u	u
68	1	1	1	1	1	u	1	u	u	u	1	1	1	1	1	1	0	u	u
69	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	u
70	u	1	0	0	1	1	1	u	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	u
71	1	1	1	0	1	u	1	u	u	u	u	1	1	1	1	1	u	1	u
72	1	u	1	1	1	u	u	u	1	1	1	1	1	1	1	1	u	0	u
73	0	0	0	0	u	0	0	u	0	0	0	0	1	0	1	1	u	1	u
74	0	1	1	0	0	1	1	u	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	u
75	0	0	0	0	0	u	0	u	0	0	0	0	0	0	0	u	1	1	u
76	1	1	1	1	1	1	0	u	1	1	1	u	u	1	1	1	0	0	u
77	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	u
78	1	1	1	1	1	1	1	u	u	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
79	u	0	u	u	u	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u
80	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
81	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
82	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u
83	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u	
84	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	u
85	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
86	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
87	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
88	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
89	1	1	1	1	1	0	1	u	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	u
90	1	0	0	1	1	0	1	u	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	u
91	0	0	0	0	1	0	0	u	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	u
92	1	0	0	0	0	0	1	u	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	u
93	1	1	1	1	1	1	1	u	1	u	1	0	1	1	1	1	0	0	u
94	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
95	0	1	1	1	1	u	u	u	u	u	1	u	0	1	1	1	0	1	u
96	1	0	0	1	u	0	1	u	0	0	1	0	1	1	1	u	u	u	u

Tab. 7.8: fortgesetzt (21/35)

Marker-Nr.	QLB'er PG-Nr. der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%																		
	204	205	206	207	208	209	210	S19	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	S20
97	0	1	1	0	1	u	u	u	1	0	1	u	u	u	1	1	0	0	u
98	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
99	1	1	1	1	1	u	1	u	1	u	1	u	1	u	1	1	u	1	u
100	1	0	1	0	1	u	1	u	1	u	1	u	1	u	1	1	0	u	u
101	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
102	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
103	u	1	1	1	1	u	1	u	1	1	0	u	1	1	1	1	0	0	u
104	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
105	0	0	1	1	0	1	u	u	u	u	1	0	0	1	1	1	u	u	u
106	1	1	1	1	1	1	u	u	1	1	0	1	1	0	1	1	u	u	u
107	1	1	1	1	1	1	u	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
108	1	1	1	1	0	0	0	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
109	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
110	0	1	1	1	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u
111	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	u	0	1	1	u
112	0	0	1	0	1	1	1	u	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	u
113	u	1	1	1	u	1	1	u	1	1	1	0	0	1	1	0	0	1	u
114	0	1	1	0	0	1	1	u	u	u	u	u	u	u	u	u	0	0	u
115	0	u	0	0	u	0	0	u	u	1	1	0	0	0	0	u	1	1	u
116	1	1	u	0	u	1	1	u	1	1	1	1	0	1	u	0	0	u	u
117	0	0	0	0	u	0	u	u	0	0	0	0	0	0	0	u	1	1	u
118	u	0	0	0	u	0	0	u	0	0	0	u	1	0	0	u	1	1	u
119	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	u
120	0	0	0	0	0	0	0	u	0	1	0	1	1	0	0	u	1	1	u
121	0	1	0	1	u	1	u	u	0	0	0	1	0	1	1	u	0	1	u
122	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	u	1	1	u
123	1	1	1	u	1	1	1	u	1	1	0	0	u	0	0	1	0	0	u
124	0	0	0	0	u	0	0	u	0	0	0	0	1	u	u	1	0	1	u
125	1	1	1	1	1	1	1	u	u	u	1	1	1	1	1	1	0	0	u
126	0	0	0	0	0	0	0	u	u	u	u	0	0	0	0	0	1	1	u
127	0	0	0	0	0	0	0	u	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	u
128	u	1	1	1	1	1	1	u	u	u	1	1	1	1	0	0	0	0	u
129	0	0	0	0	0	0	0	u	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	u
130	u	1	1	1	1	1	u	u	u	u	1	u	u	u	u	u	u	u	u
131	u	1	u	u	u	1	u	u	0	1	1	u	u	u	0	0	u	u	u
132	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
133	0	0	u	u	u	0	0	u	1	0	0	u	u	u	0	0	1	u	u
134	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
135	1	1	u	u	u	1	u	1	1	1	1	u	u	u	1	0	0	u	u
136	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
137	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
138	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
139	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
140	u	u	1	1	1	1	0	u	u	1	1	u	1	1	1	0	0	0	u
141	u	u	1	1	u	u	u	u	0	1	1	u	1	1	1	1	1	0	u
142	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
143	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

Tab. 7.8: fortgesetzt (28/35)

Marker-Nr.	QLB'er PG-Nr. der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%																		
	204	205	206	207	208	209	210	S19	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	S20
144	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	u	0	1	0	1	1	1	0
145	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
146	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
147	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
148	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
149	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
150	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	1	u	u	u	u
151	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
152	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1
153	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1
154	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1
155	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1
156	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
157	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	u	1	1	1	1	1	0	0	0
158	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	u	1	1	1	1	1	0	0	0
159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	u	1	0
160	0	1	1	1	0	1	1	u	0	0	u	u	1	1	1	1	u	u	u
161	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1
162	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	u	1	1	1	1	1	u	u	u
163	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
164	u	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
165	1	0	0	0	1	0	0	u	u	u	u	0	0	1	1	0	1	1	u
166	u	u	u	u	u	1	1	0	1	1	u	1	1	1	1	1	0	0	0
167	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1
168	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1
169	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
170	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
171	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
172	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
173	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
174	1	0	1	1	1	1	1	0	u	u	u	u	u	1	1	1	1	1	0
175	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
176	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
177	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
178	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
179	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
180	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
181	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
182	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
183	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	u	0	0	0	u	1
184	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	u	0	0	0	u	1
185	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
186	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
187	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u

Tab. 7.8: fortgesetzt (31/35)

Marker-Nr.	QLB'er PG-Nr. der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%																																							
	77	S7	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	S8	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	S9	100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110			
188	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	1	1	1	0	0	1	1	1	1	u	0	0	u	1	0	1	0	1	0	1	0	u	1	0	
189	0	u	0	0	0	0	1	1	1	1	u	0	1	0	u	1	0	1	u	u	0	1	1	1	u	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	u	1	0	
190	1	0	1	1	0	1	0	1	1	u	u	1	1	0	u	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	u	0	1	0	1	1	1	1	u	1	1	
191	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	u	1	u	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	u	u	0	0	u	0	0	0		
192	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	u	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	u	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
193	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	u	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	u	1	1
194	0	0	0	1	u	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	u	u	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	1	u	0	u	
195	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	u	u	u	0	u		
196	0	u	0	0	0	0	1	0	u	0	u	0	u	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	u	0	0	0	0	0	0	u	u	u	0	0	0	0	
197	1	u	1	u	u	1	0	1	1	1	0	1	0	u	1	u	1	1	u	u	0	0	0	0	0	0	u	1	1	0	1	u	0	0	0	u	u	u		
198	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	u	0	0	1	0	0	0	0	0	0	u	1	0	
199	1	u	1	1	u	1	1	1	1	u	1	u	u	0	0	1	1	1	1	1	0	u	0	0	u	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	
200	1	0	u	u	u	1	u	1	1	1	u	1	u	u	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	u	u	1	u	1	1	1		
201	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
202	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
203	0	0	0	0	0	0	1	1	1	u	u	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1
204	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
205	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

Tab. 7.8: fortgesetzt (32/35)

Marker-Nr.	QLB'er PG-Nr. der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%																																					
	S10	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	S11	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	S12	133	134	135	136	137	138	139	140	141				
188	0	0	0	u	u	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	u	u	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	
189	0	0	u	u	u	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	
190	0	u	0	u	u	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u	1	1	1	
191	0	0	0	u	u	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1	u	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	u	0	0	0	
192	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1
193	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	u	1	u	u	u	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
194	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	u	0	u	u	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
195	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	u	1	u	1	1	u	1	1	1	1	1	0	1	0
196	u	u	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	u	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	u	1	1	1	1	u	1	1	1	0	1	1	0	0
197	u	u	1	1	1	1	0	0	u	0	1	1	u	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	u	0	0	0	0	u	u	u	1	0	1	0	1	
198	u	u	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	u	1	1	1	1	1	1	0	0	1	u	1	u	1	1	1	1	u	0	1	0	1	0	1	0	
199	u	u	1	u	1	u	u	0	0	0	0	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
200	0	u	1	1	1	u	u	u	1	0	1	0	u	0	0	0	0	0	0	0	1	0	u	u	0	0	0	0	0	u	0	u	u	u	u	1	1	1
201	1	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	
202	1	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0
203	0	u	1	0	0	1	1	1	0	0	u	0	u	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	u	0	u	1	0	0	0	0
204	1	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0
205	1	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0

Tab. 7.8: fortgesetzt (33/35)

Marker-Nr.	QLB'er PG-Nr. der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%																																		
	142	143	S13	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154	S14	155	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165	S15	166	167	168	169	170	171	172	
188	1	1	0	0	0	1	1	1	u	1	u	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	u	1	1	0	1	1	
189	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	u	1	u	0	0	1	0	0	0	1	u	0
190	1	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	u	u	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	u	0	u	1	u	1	u	
191	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	
192	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	u	u	u	1	
193	1	1	0	1	1	1	1	0	1	u	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	u	u	u	u	1	1	1	1	1	0	1	
194	1	1	0	0	1	u	1	1	1	1	0	1	u	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	u	u	u	u	0	0	1	0	1	0	1	
195	0	0	0	u	1	1	0	0	0	1	1	0	u	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	u	u	u	u	1	1	0	0	1	0	0	
196	0	0	u	1	1	u	0	0	0	0	1	0	0	0	u	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	u	1	1	0	0	1	1	0	
197	1	1	u	u	0	u	0	u	1	1	0	1	0	u	u	0	0	0	1	u	u	0	0	1	1	u	0	0	1	1	u	u	u	u	
198	0	0	u	1	1	u	0	u	u	0	1	0	0	0	u	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	u	1	1	0	0	1	0	1	0	1
199	0	1	u	0	0	u	1	1	0	1	0	1	0	1	u	1	0	0	0	0	1	0	0	0	u	1	u	0	0	0	0	0	0	1	1
200	1	1	0	0	0	u	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1
201	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
202	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
203	1	0	0	0	0	u	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	u	1	1	1	1
204	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
205	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

Tab. 7.8: fortgesetzt (34/35)

Marker-Nr.	QLB'er PG-Nr. der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%																																		
	173	174	176	177	S16	178	179	180	181	182	183	184	185	186	187	188	S17	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198	199	S18	200	201	202	203		
188	1	1	1	u	0	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u		
189	0	0	0	0	0	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	
190	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	u	1	u	0	1	0	1	u	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	
191	0	0	0	0	0	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	
192	1	0	u	u	0	0	1	1	0	0	u	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	u	u	
193	0	1	u	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	u	u	1	1	1	
194	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	u	u	1	1	1	
195	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	u	u	u	u	
196	0	0	u	u	u	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	u	u	1	0	1	0	0	u	1	0	0	0	
197	u	u	u	u	u	0	0	u	u	1	0	0	1	1	u	1	u	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	0	u	u	1	1	u	u	
198	0	0	u	u	u	1	1	0	0	0	0	0	0	0	u	0	u	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	u	0	0	0	0	0	
199	0	1	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	
200	1	1	u	u	u	0	0	1	1	1	1	u	1	1	u	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
201	0	0	u	u	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	
202	0	0	u	u	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	
203	1	0	u	u	u	0	0	0	0	0	0	0	1	1	u	1	0	1	1	0	0	0	u	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1
204	0	0	u	u	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
205	0	0	u	u	u	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

Tab. 7.8: fortgesetzt (35/35)

Marker-Nr.	QLB'er PG-Nr. der Petersilien- (VPc07/31/...) und Sellerie-Akzessionen, grau unterlegte Markerbanden sind innerhalb des Petersilien-Sortimentes unter der MAF von 5%																			
	204	205	206	207	208	209	210	S19	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	S20	
188	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
189	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
190	u	1	1	1	u	1	1	0	1	u	u	u	u	u	u	1	0	0	0	
191	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u
192	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	u	1	1	1	1	1	0	0	0	
193	1	0	1	1	0	1	1	0	u	1	u	1	1	0	1	1	1	1	0	
194	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	
195	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	
196	1	0	u	1	0	u	0	u	1	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	
197	1	1	1	1	1	u	1	u	1	u	u	u	1	u	u	1	u	u	u	
198	0	0	0	0	0	u	0	u	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	u	
199	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	u	
200	1	1	1	1	1	u	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	u	0	u	
201	0	0	0	0	u	u	0	1	0	0	0	u	0	0	0	0	u	0	u	
202	0	0	0	0	u	u	0	1	0	0	0	u	0	0	0	0	u	0	u	
203	1	1	1	1	u	u	1	0	1	0	0	u	1	1	1	0	u	0	u	
204	0	0	0	0	u	u	0	1	0	0	0	u	0	0	0	0	u	0	u	
205	0	0	0	0	u	u	0	1	0	0	0	u	0	0	0	0	u	0	u	

Legende zu Tab. 7.8: Erläuterungen zu den Nummerierungen für die Spalten- und Zeilenbezeichnungen der Prüfglieder bzw. molekularen Marker sowie zur Bandenauswertung

Tabelle 7.7 ist zugleich die Legende für die Markernummerierung in Tabelle 7.8.

Weiterhin ist die Legende zu Tab. 7.1 (bei Petersilie) und Tab. 7.4 (bei Sellerie) auch als Legende für die Prüfgliednummerierung in Tabelle 7.8 zu nutzen.

In der Eins/Null-Matrix der Tabelle 7.8 stehen die Kürzel „1“, „0“ und „u“ für folgende Ereignisse:

- Bande vorhanden = 1,
- Bande nicht vorhanden = 0,
- Bande nicht auswertbar = u (unbekannt) bzw. in der Kalkulation = "999".

Tab. 7.9: Aufgrund von Sonderstellungen in methodisch und analytisch unterschiedlichen Clustern sowie Wirt-Parasit-Interaktionen bedeutender Pathogene ausgewählte Akzessionen mit ergänzenden Informationen zu Versuch VPc07/31 (siehe Legende zu Tabelle 7.9)

PET	1*	2*	3*	4*	5*	6*	7*	infraspezifisches Taxon	8	9	10	11***	12	13
4	X	X						var. <i>tuberosum</i>	/	nein	2	2	5	7
6	X	X						var. <i>tuberosum</i>	/	nein	2	2	3	7
16							X	var. <i>tuberosum</i>	/	nein	2	2	0	0
21							X	var. <i>tuberosum</i>	/	nein	2	2	1	0
24	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	/	nein	1	1	7	0
29			X			X		var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	G	ja	2	n.a.	3	0
34							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	/	nein	2	2	1	0
36							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	2	2	1	0
39							X	var. <i>tuberosum</i>	SK	ja	2	2	1	0
48		X			X			var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	G	ja	1	2	5	7
49		X			X			var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	G	ja	2	1	1	3
50	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	LAR	ja	2	2	7	0
51	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	LAR	ja	2	2	7	0
55	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	I	ja	1	1	7	0
63			X					var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	2	2	3	0
64			X					var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	1	1	7	7
67	X		X		X			var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	G	ja	1	2	5	0
68	X				X			var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	2	1	8	5
70	X				X			var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	1	2	5	0
71	X				X			var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	G	ja	2	1	7	5
80	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	SYR	ja	1	1	7	0
90						X		var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	1	n.a.	7	8
94	X					X		var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	G	ja	1	n.a.	5	0
95	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	2	2	7	0
97					X			var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	2	1	5	3
103			X	X				var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	G	ja	1	1	5	5
124	X		X	X	X			var. <i>crispum</i>	/	nein	2	1	7	5
125	X		X	X	X			var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	AL	ja	1	2	5	0
133							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	AL	ja	2	2	1	0
137	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	HR	ja	1	1	7	0
145	X		X	X	X			var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	TN	ja	2	1	5	7
155	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	2	2	5	7
159							X	var. <i>tuberosum</i>	HR	ja	2	2	1	0
167							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	BG	ja	2	2	1	0
168							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	BG	ja	2	2	1	0
169							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	BG	ja	2	2	1	0
177							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	BG	ja	2	2	1	0
178							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	BG	ja	2	2	1	0
181							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	/	nein	2	2	1	0
187	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	E	ja	1	1	3	0
189	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	E	ja	2	2	7	0
191							X	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	/	nein	2	2	1	0
192	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	F	ja	1	1	1	1
195	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	I	ja	1	1	1	3
199	X	X						var. <i>crispum</i>	F	ja	1	1	7	0
201	X	X						var. <i>crispum</i>	/	nein	1	1	5	0
211	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	/	nein	1	1	1	3
215	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	/	nein	1	1	1	5
217	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	/	nein	1	1	1	5
212							X	var. <i>tuberosum</i>	/	nein	2	2	1	0
214							X	var. <i>tuberosum</i>	/	nein	2	2	1	0
220	X	X						var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> mit Tendenz zu var. <i>crispum</i>	/	nein	1	1	7	0
222	X	X						var. <i>crispum</i>	/	nein	1	1	5	0
07/802						X		var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i>	E**	ja	1	n.a.	5	7

*X - zutreffend, leeres Feld - nicht zutreffend, ***n.a. - nicht auswertbar

Legende zu Tab. 7.9: Erklärungen der Abkürzungen und Nummerierung für die Spalten in Tabelle 7.9

kurze Spalten- bezeichnung	ausführliche Spaltenbezeichnung
PET	Gatersl. Nr. - PET-Nr. - Nummerierung der ex situ Genbank des IPK Gatersleben
2	Abweicher von Tendenz - Cluster des Dendrogramms zu Wirt-Parasit-Interaktion (Cluster 1 - anfällig, Cluster 2 - resistent gegenüber beiden oder eines der beiden Pathogene) konkret sind folgende Fälle Abweicher : <i>S. petroselini</i> (Noten 0+1 und Cluster 1, Noten 7+8 und Cluster 2) sowie <i>P. petroselini</i> (Note 0 und Cluster 1, Noten 7 und Cluster 2)
3	Abweicher von Tendenz - VOCs-PCA-Cluster zu Wirt-Parasit-Interaktion (Cluster a - anfällig, Cluster b - resistent gegenüber beiden oder eines der beiden Pathogene) konkret sind folgende Fälle Abweicher : <i>S. petroselini</i> (Noten 0+1 und Cluster a, Noten 7+8 und Cluster b) sowie <i>P. petroselini</i> (Note 0 und Cluster a, Noten 7 und Cluster b)
4	Wahrscheinlichkeit für die zugeordnete Untergruppe (Q1 oder Q2) nach structure von $\leq 80\%$
5	relative "Ausreißer" in Dendrogramm Clustern gegenüber dem zugeordneten Cluster mit genetischer Distanz von mindestens 0,4 (nach Nei 1972)
6	Abweicher von tendenzieller Übereinstimmung - VOCs-PCA-Cluster (a+b) zu molekulare Cluster des Dendrogramms (1+2): a=1 und b=2
7	Akzessionen sind den VOCs-PCA-Clustern nicht eindeutig zuordenbar
8	gegen <i>S. petroselini</i> und <i>P. petroselini</i> doppelt resistent - 1. für <i>S. petroselini</i> (Noten 0+1) sowie 2. für <i>P. petroselini</i> (Note 0)
infraspezi- fisches Taxon	taxonomisches System nach Danert (1959), ohne Erwähnung der Formen
10	geographische Ursprungsregion
11	Landrasse-Typ ja / nein
12	Nummer des Clusters im Dendrogramm auf molekulargenetischer Basis
13	Buchstabe des Clusters im VOCs-PCA-Cluster (n.a. - nicht auswertbar)
14	Boniturnote des <i>Septoria petroselini</i> -Befalls am 20.09.2007 in Quedlinburg
15	Boniturnote des <i>Plasmopara petroselini</i> -Befalls am 20.09.2007 in Quedlinburg

Tab. 7.10: Genetische Distanzen* exponierter Akzessionen im Dendrogramm aus Abbildung 3.4 zu ausgewählten Gruppen von Genotypen

	Gesamt- sortiment ¹	gesamtes molekulares Cluster 1	gesamtes molekulares Cluster 2	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolita- nicum</i> ²	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolita- nicum</i> - molekulares Cluster 1	var. <i>vulgare</i> / var. <i>neapolitanicum</i> - molekulares Cluster 2	var. <i>crispum</i> u. Übergangstypen (kraus/glatt) - molekulares Cluster 1	var. <i>tuberosum</i> u. Akzessionen mit Tendenz zum Wurzeltyp
durchschnittliche genetische Distanz* innerhalb der jeweiligen Gruppe	0,78	0,24	0,21	0,79	0,26	0,23	0,18	0,14
MW der genetischen Distanzen* jeweils zwischen zwei Gruppen		1,46			1,40		1,72	
MW der genetischen Distanzen* der Sellerie Akzessionen zur jeweiligen Gruppe	1,53	0,94	0,50		0,93	0,52	0,99	0,43
MW der genetischen Distanzen* von PET 124 zu Akzessionen der jeweiligen Gruppe							0,89	
MW der genetischen Distanzen* von PET 145 zu Akzessionen der jeweiligen Gruppe						0,45		
MW der genetischen Distanzen* von PET 63 zu Akzessionen der jeweiligen Gruppe						0,46		
MW der genetischen Distanzen* von PET 103 zu Akzessionen der jeweiligen Gruppe					0,42			
MW der genetischen Distanzen* von PET 64 zu Akzessionen der jeweiligen Gruppe					0,44			
MW der genetischen Distanzen* von PET 122 zu Akzessionen der jeweiligen Gruppe					0,42			
MW der genetischen Distanzen* von PET 125 zu Akzessionen der jeweiligen Gruppe					0,43			

*genetische Distanz nach Nei

Tab. 7.11: Relative EP-Häufigkeiten der F₂-Familien, Eltern und Standards nach *S. petroselini*-Befall im Klimakammerresistenztest 10/4 mit geprüfter EP-Anzahl*

%-ualer Blattbefall pro EP in 2'er Schritten	resistenter Standard P0/656/0	resistente Mutter P1/504/1	F ₂ (1) aus P01/504/1 x P01/701/1	F ₂ (2) aus P01/504/1 x P01/701/1	F ₂ (3) aus P01/504/1 x P01/701/1	anfälliger Bestäuber P01/701/1	anfälliger Standard P0/619/0
0	25,93	0	0	2,22	0	0	0
bis 2	70,37	0	5,36	57,78	13,40	0	0
bis 4	3,70	16,67	35,71	22,22	27,84	0	0
bis 6	0	37,50	17,86	15,56	26,80	0	0
bis 8	0	25,00	21,43	2,22	8,25	0	0
bis 10	0	16,67	8,93	0	7,22	0	0
bis 12	0	4,17	5,36	0	5,15	0	0
bis 14	0	0	3,57	0	3,09	0	4,17
bis 16	0	0	0	0	3,09	0	0
bis 18	0	0	0	0	2,06	4,35	4,17
bis 20	0	0	0	0	1,03	0	0
bis 22	0	0	0	0	0	4,35	8,33
bis 24	0	0	0	0	1,03	8,70	8,33
bis 26	0	0	0	0	0	0	0
bis 28	0	0	1,79	0	0	13,04	20,83
bis 30	0	0	0	0	0	0	8,33
bis 32	0	0	0	0	0	4,35	16,67
bis 34	0	0	0	0	1,03	8,70	0
bis 36	0	0	0	0	0	13,04	8,33
bis 38	0	0	0	0	0	0	8,33
bis 40	0	0	0	0	0	17,39	4,17
bis 42	0	0	0	0	0	8,70	8,33
bis 44	0	0	0	0	0	4,35	0
bis 46	0	0	0	0	0	8,70	0
bis 48	0	0	0	0	0	0	0
bis 50	0	0	0	0	0	4,35	0
Anzahl - EP	27	24	56	45	97	23	24

*maximale Häufigkeit (Modalwert) für jedes Prüfglied fett gedruckt und grau unterlegt

Tab. 7.12: Gehalte 11 ausgewählter VOCs und des „internen Standards“ (IST) im Versuch VPc08/301 nach Prüfgliedern

Substanz-Nr.	9	19	26	30	44	48	60	86	98	102	112	116	
Zeit 1	10,46	13,08	14,84	15,65	18,49	19,40	21,07	25,15	26,68	27,21	28,50	28,92	
Zeit 2	10,65	13,19	14,93	15,71	18,55	19,47	21,17	25,21	26,77	27,27	28,58	29,02	
Substanz	Hexanal	(R)-Myrcen	(E)2-Hexenal	(Y)-Terpinen	a44 = a40* *Weltsortiment	(Z)3-Hexenol	Dimethylstyrol	Terpinenol	a98 = a75* *Weltsortiment	p-Menthenol	IST	Sesquiphellandren	
PG-Nr.	Ursprung												
1	P504/0	184,39	6310,24	1830,96	168,23	22,00	61,25	4239,76	34,60	17,13	45,67	154,17	31,66
2	P01/504/1-P ₁	216,63	3706,48	4706,79	102,95	27,82	135,05	2633,38	23,44	0,00	45,29	211,74	13,45
3	P516/0	33,97	601,42	984,14	97,15	23,02	65,70	1798,74	93,45	11,04	72,66	114,37	0,00
4	P01/516/1-P ₁	107,26	2114,62	3013,49	176,05	21,15	107,47	3746,84	79,39	0,00	72,27	473,02	54,39
5	P01/516/2-P ₁	110,66	4387,49	2131,48	221,29	29,58	139,48	3523,84	114,03	15,42	98,25	410,96	15,04
6	P656/0	86,85	1969,69	1011,83	148,22	29,14	110,06	5020,92	182,53	38,72	64,67	270,47	5,09
7	P01/656/1-P ₁	55,38	1688,88	956,31	96,36	14,65	73,12	2011,39	109,93	0,00	16,54	303,86	12,13
8	P01/656/2-P ₁	84,36	4520,88	1215,56	115,91	23,18	90,17	2350,77	91,88	22,40	41,16	344,65	65,07
9	P662/0	41,44	2102,65	780,02	167,79	25,53	60,41	5494,13	75,55	49,31	55,95	288,73	0,00
10	P01/662/1-P ₁	137,06	3006,47	1839,57	173,93	22,96	36,29	3907,77	128,92	7,13	35,86	247,99	0,00
11	P701/0	150,42	6719,33	1707,56	112,18	31,74	56,37	4837,58	142,35	18,57	50,29	269,63	0,00
12	P01/701/1-P ₁	81,98	1481,78	492,53	178,65	17,66	167,76	2175,28	155,65	0,00	139,07	257,83	187,53
13	P01/701/1-I ₁	60,83	1571,80	192,80	73,12	24,01	160,46	1483,21	56,77	30,21	91,90	128,34	134,63
14	P01/701/2-P ₁	34,25	2001,83	963,01	234,95	42,25	45,89	4806,78	211,51	17,47	76,48	288,29	0,00
15	„Gigante d'Italia“	48,14	2068,65	372,24	162,60	0,00	131,15	2097,99	188,67	17,07	93,10	101,13	51,97

P₁-auf Resistenz oder Anfälligkeit selektierte kleine Population von 10 bis 14 EP

Tab. 7.13: Gehalte 11 ausgewählter VOCs und des „internen Standards“ (IST) im Versuch VPc09/311 nach Prüfgliedern

Substanz-Nr.	8	17	24	27	34	36	42	61	71	74	81	84	
Zeit 1	10,35	13,00	14,84	15,51	18,44	19,25	21,02	25,08	26,61	27,14	28,44	28,88	
Zeit 2	10,79	13,35	14,97	15,90	18,53	19,43	21,25	25,19	26,71	27,38	28,52	29,04	
Substanz	Hexanal	(β)-Myrcen	(E)2-Hexenal	(γ)-Terpinen	a34 = a40* *Weltsortiment	(Z)3-Hexenol	Dimethystyrol	Terpinenol	a71 = a75* *Weltsortiment	p-Menthenol	IST	Sesquiphellandren	
PG-Nr.	Ursprung												
1	P09/504/0	583,24	22228,45	9173,34	291,11	45,29	74,14	7006,58	25,57	46,92	58,49	84,39	50,51
2	P09/504/1-I ₃ *	645,70	18536,95	6720,93	260,85	46,28	52,13	4613,62	0,00	44,60	80,75	72,09	42,20
3	P09/504/1-I ₃	467,88	15059,10	5780,64	212,49	39,37	49,18	3666,66	12,72	43,75	59,57	71,68	101,32
4	P09/516/0	482,86	17005,90	5170,00	324,22	36,00	38,58	8388,52	28,72	36,24	43,07	79,35	12,67
5	P09/516/2-I ₃ *	413,46	19354,20	4898,41	259,74	34,90	34,94	10619,45	32,37	37,99	84,85	91,29	0,00
6	P09/516/2-I ₃	527,09	33926,75	5250,23	441,91	38,85	52,19	13047,55	43,40	45,69	106,37	88,61	0,00
7	P09/656/0	484,01	28030,55	4014,66	459,90	0,00	42,33	11035,05	36,71	36,28	103,01	68,12	0,00
8	P09/662/0	438,04	40219,95	3552,51	469,09	20,41	59,45	13690,40	35,14	53,29	57,92	88,61	0,00
9	P09/701/0	671,43	33373,35	10865,10	492,54	14,44	51,87	12158,50	0,00	53,42	104,98	71,78	0,00
10	P09/701/1-I ₃ *	272,68	16033,05	2080,89	1581,25	0,00	171,49	3174,60	471,87	115,30	221,70	64,41	890,08
11	P09/701/1-I ₃	122,31	12830,55	1258,21	1537,72	27,34	185,41	2109,69	191,55	70,85	159,97	59,90	694,52
12	P09/701/2-I ₃ *	354,37	16502,30	6166,96	496,01	0,00	46,90	15919,80	31,95	47,51	122,28	59,34	0,00
13	P09/701/2-I ₃	288,18	18040,60	6368,14	427,22	0,00	0,00	13674,70	38,30	57,59	78,64	61,40	0,00
14	„Grüne Perle“ „Gigante d'Italia“	36,98	11882,55	728,51	1013,28	0,00	112,05	4435,77	187,14	38,14	183,91	47,11	777,65
15	P09/510/0	77,95	11870,85	1756,31	614,27	0,00	71,53	5248,99	1307,43	50,42	171,26	55,11	234,12
16	P09/510/0	114,53	12057,85	1370,15	231,63	0,00	70,18	5353,40	156,46	40,27	252,35	64,63	317,20

I₃*-Inzuchtstufe 3, jedoch mehrere I₂-EP-Nachkommenschaften gemischt (Durchschnitt mehrerer I₃-Geschwisterpflanzen);
I₃-Inzuchtstufe 3, jedoch zwei I₂-EP-Nachkommenschaften gemischt (Durchschnitt zweier I₃-Geschwisterpflanzen)

Tab. 7.14: Anbauplan (Anordnung der QLBER-Prüfgliednummern auf dem Feld) des Versuches VPc07/31, an beiden Standorten (QLB und GAT) identisch*

2	40	41	80	81	120	121	160	161	200	201
1	39	42	79	82	119	122	159	162	199	202
3	38	43	78	83	118	123	158	163	198	203
4	37	44	77	84	117	124	157	164	197	204
5	36	45	76	85	116	125	156	165	196	205
6	35	46	75	86	115	126	155	166	195	206
7	34	47	74	87	114	127	154	167	194	207
8	33	48	73	88	113	128	153	168	193	208
9	32	49	72	89	112	129	152	169	192	209
10	31	50	71	90	111	130	151	170	191	210
11	30	51	70	91	110	131	150	171	190	211
12	29	52	69	92	109	132	149	172	189	212
13	28	53	68	93	108	133	148	173	188	213
14	27	54	67	94	107	134	147	174	187	214
15	26	55	66	95	106	135	146	175	186	215
16	25	56	65	96	105	136	145	176	185	216
17	24	57	64	97	104	137	144	177	184	217
18	23	58	63	98	103	138	143	178	183	218
19	22	59	62	99	102	139	142	179	182	219
20	21	60	61	100	101	140	141	180	181	220

*PG-Nr. 1 und 2 wurden als einzige zwischen QLB und GAT umgekehrt angebaut

8 Weitere Verzeichnisse

Verzeichnis der Abkürzungen

Nicht aufgeführt wurden in diesem Verzeichnis:

- SI-Einheitszeichen,
- Abkürzungen aus dem Duden,
- Kürzel, die nur im Anhang Verwendung fanden und dort in Legenden erklärt sind.

AFLP	amplified fragment-length polymorphism
AG	Arbeitsgruppe
AUDPC	area under disease progress curve
bp	Basenpaare
dpi	days past inoculation (Tage nach der Inokulation)
χ^2	Chi ² nach Pearson
C _{korrig.}	korrigierter Kontingenzkoeffizient
dNTP	Desoxynukleotidtriphosphat
	entsprechend der Nukleusbasen A - Adenin, C - Cytosin, G - Guanin, T – Thymin:
dATP	Desoxyadenosintriphosphat
dCTP	Desoxycytosintriphosphat
dGTP	Desoxyguanintriphosphat
dTTP	Desoxytyrosintriphosphat
ddH ₂ O	doppelt destilliertes Wasser
DH	doppelhaploid
DMAPP	Dimethylallylpyrophosphat
dpRAPD	double primer RAPD
<i>Eco</i> RI	Restriktionsenzym aus <i>Escherischia coli</i> mit Stamm und Nummer
EP	Einzelpflanze(n)
GAT	Gatersleben
GC	Gaschromatograph(ie)
GLVs	green leaf volatiles
h ²	Heritabilität(en)
HS-SPME	headspace solid phase microextraction
HR	hypersensitivity reaction
IPK	Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung
IPP	Isopentenylpyrophosphat
ISSR	inter-simple sequence repeat
JKI	Julius Kühn Institut
LD	linkage disequilibrium
L(K)	Likelihood (Wahrscheinlichkeit) für eine Anzahl von Untergruppen

LOX	Lipoxygenase
LR	Landrasse
MAF	minor allele frequency
<i>MseI</i>	Restriktionsenzym aus <i>Micrococcus species</i> mit Nummer
MTA	marker trait association (Marker-Merkmal-Assoziation)
MLM	mixed linear model (gemischtes lineares Modell)
MW	Mittelwert(e)
N	Nukleotid
n	Anzahl
Nr.	Nummer
ÖPV	Institut für Ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz
p	Irrtumswahrscheinlichkeit
<i>P. petroselini</i>	<i>Plasmopara petroselini</i>
PCA	principal component analysis (Hauptkomponentenanalyse)
PCR	polymerase chain reaction
<i>Pet. crisp.</i>	<i>Petroselinum crispum</i> (Petersilie)
PG	Prüfglied(er)
PR proteins	pathogenesis-related proteins
Q	Wahrscheinlichkeiten der einzelnen Individuen zu den Untergruppen
QLB	Quedlinburg
QTL	Quantitativ Trait Loci
r_s^2	Bestimmtheitsmaß (auf der Basis des Rangkorrelationskoeffizienten nach Spearman)
r_s	Rangkorrelationskoeffizient nach Spearman
RAPD	randomly amplified polymorphism DNA
RIL	Rekombinante Inzuchtlinien (recombinant inbred lines)
<i>S. petroselini</i>	<i>Septoria petroselini</i>
SRAP	sequence-related amplified polymorphism
Tab.	Tabelle
<i>Taq</i>	<i>Thermus aquaticus</i> -Polymerase
TASSEL	trait analysis by association, evolution and linkage
u.a.	unter anderem
UPGMA	unweighted pair group method with arithmetic means
var.	Varietät
VOC(s)	volatile organic compound(s) (flüchtige organische Verbindung[en])
VPc	Versuch- <i>Petroselinum crispum</i>
Wdh.	Wiederholung(en)
ZGO-Q	Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst- Quedlinburg

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 3.1: Befall mit <i>Septoria petroselini</i> (zweite Bonitur); Darstellung des an den beiden Standorten QLB und GAT identischen Anbauplanes von 220 Petersilienherkünften. Jede Parzelle wurde für die ermittelte Boniturnote des Befalls eingefärbt. a: Standort QLB; b: Standort GAT, schwarze Felder stehen für nicht auswertbare PG	46
Abbildung 3.2: Befall mit <i>Plasmopara petroselini</i> (zweite Bonitur); Darstellung des an den beiden Standorten QLB und GAT identischen Anbauplanes von 220 Petersilienherkünften. Jede Parzelle wurde für die ermittelte Boniturnote des Befalls eingefärbt. a: Standort QLB; b: Standort GAT, schwarze Felder stehen für nicht auswertbare PG	47
Abbildung 3.3: Verteilung der Akzessionen nach infraspezifischen Taxa; Darstellung des an den beiden Standorten QLB und GAT identischen Anbauplanes von 220 Petersilienherkünften	48
Abbildung 3.4: Dendrogramm von <i>Petroselinum crispum</i> mit der Außengruppe aus Sellerie (<i>Apium graveolens</i>) auf der Basis 205 molekularer Marker mit Einfärbung für die taxonomische Zuordnung und Wirt-Parasit-Interaktionen – Quedlinburg	58
Abbildung 3.5: Verteilung der Akzessionen nach infraspezifischen Taxa und molekularen Zuordnung innerhalb des Dendrogramms; Darstellung des an den beiden Standorten QLB und GAT identischen Anbauplanes von 220 Petersilienherkünften	61
Abbildung 3.6: 219 Akzessionen von <i>Petroselinum crispum</i> nach einer Hauptkomponenten-Analyse auf der Basis 42 volatiler organischer Verbindungen nach Faktor 1 x 2 (a) und Faktor 2 x 3 (b).....	63
Abbildung 3.7: Likelihood Funktion L(K) über die Anzahl Untergruppen von 1 bis 12.....	64
Abbildung 3.8: Wahrscheinlichkeiten der Petersilien-Akzessionen für die Zugehörigkeit zu den zwei Untergruppen Q1 und Q2.....	65
Abbildung 3.9: Markerbande der Bestäuberpflanze (Vater – P 01/701/1) als Nachweis beim Kreuzungsnachkommen F ₁ (1) mittels RAPD-Primer OPA03	89
Abbildung 3.10: Markerbande der Bestäuberpflanze (Vater – P 01/701/1) als Nachweis bei den Kreuzungsnachkommen F ₁ (2) und F ₁ (3) mittels dpRAPD-Primer OPA01+OPA02.....	89
Abbildung 3.11: Relative Einzelpflanzen-Häufigkeiten der F ₂ -Familien, Eltern und Standards nach <i>S. petroselini</i> -Befall (21 dpi, in Prozent der Blattfläche) im Klimakammertest auf Resistenz gegen <i>S. petroselini</i> 10/4	93
Abbildung 4.1: Häufigkeitsverteilung des <i>Septoria petroselini</i> -Befalls über die Boniturnoten am Standort Quedlinburg	97
Abbildung 4.2: Häufigkeitsverteilung des <i>Plasmopara petroselini</i> -Befalls über die Boniturnoten am Standort Quedlinburg	98
Abbildung 4.3: <i>S. petroselini</i> -Befall nach Boniturnoten zu fünf Terminen ausgewählter Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc09/311.....	116

Tabellenverzeichnis

Tabelle 2.1:	Übersicht aller für diese Dissertation genutzten Versuche mit der Art des getesteten Pflanzenmaterials, Versuchsfragen und Tabellenverweisen	21
Tabelle 2.2:	Niederschlagsmengen und Temperaturen in den Jahren der Versuche VPc07/31, VPc08/301 und VPc09/311 an den entsprechenden Standorten	27
Tabelle 2.3:	Boniturschlüssel für den Befall durch <i>S. petroselinii</i> und <i>P. petroselinii</i>	29
Tabelle 2.4:	Transformationsschlüssel von Boniturnoten mit / ohne Tendenz in prozentuale Werte des Blattbefalls	30
Tabelle 2.5:	Boniturschlüssel für morphologische Merkmale	31
Tabelle 2.6:	Taxonomisches System nach Danert (1959), ohne Erwähnung der Formen	31
Tabelle 2.7:	Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix sowie DNA zur RAPD- und dpRAPD-Analyse	34
Tabelle 2.8:	Bezeichnungen der verwendeten RAPD- und dpRAPD-Primer mit Sequenzen	35
Tabelle 2.9:	Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix sowie DNA zur SRAP-Analyse	36
Tabelle 2.10:	Bezeichnungen der verwendeten SRAP-Primer mit Sequenzen	37
Tabelle 2.11:	Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix sowie DNA zur Restriktion der AFLP-Analyse	38
Tabelle 2.12:	Volumina und Komponenten für einen Mix zur Ligation der AFLP-Analyse	38
Tabelle 2.13:	Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix zur Preamplifikation der AFLP-Analyse	39
Tabelle 2.14:	Verwendete Primerkombinationen mit je einer selektiven Base zur selektiven Amplifikation der AFLP-Analyse	40
Tabelle 2.15:	Volumina und Konzentrationen der Komponenten für einen Mastermix zur selektiven Amplifikation der AFLP-Analyse	40
Tabelle 3.1:	Ausprägungshäufigkeiten, Varianzen und Heritabilitäten für die morphologischen Merkmale Blattkräuselung, Wurzelverdickung und Wurzelverholzung an den beiden Versuchsstandorten Gatersleben und Quedlinburg	44
Tabelle 3.2:	Anzahl der Akzessionen aus dem Weltsortiment nach taxonomischer Gruppierung	45
Tabelle 3.3:	Korrelationen morphologischer Eigenschaften	45
Tabelle 3.4:	Häufigkeitsverteilungen des <i>S. petroselinii</i> und <i>P. petroselinii</i> -Befalls	48
Tabelle 3.5:	Anzahl der bonitierten Prüfglieder sowie ausgewählte Lage- und Streungsmaße bezüglich des Befalls durch <i>S. petroselinii</i> und <i>P. petroselinii</i>	49
Tabelle 3.6:	Kontingenztafel für die Besetzung der Boniturklassen für den Befall durch <i>S. petroselinii</i> und <i>P. petroselinii</i>	50

Tabelle 3.7:	Beziehungen morphologischer Merkmale mit Befallswerten von <i>S. petroselini</i> und <i>P. petroselini</i>	50
Tabelle 3.8:	Lage- und Streuungsmaße der Gehalte volatiler organischer Verbindungen	51
Tabelle 3.9:	Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zur Blattkräuselung	51
Tabelle 3.10:	Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zur Wurzelverdickung	52
Tabelle 3.11:	Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zur Wurzelverholzung	53
Tabelle 3.12:	Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum <i>S. petroselini</i> -Befall	54
Tabelle 3.13:	Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum <i>P. petroselini</i> -Befall	54
Tabelle 3.14a:	Anzahl der Akzessionen von Petersilie, Sellerie und Petersilie sowie der polymorphen molekularen Marker mit / ohne „minor allele frequency“ von 5 %	55
Tabelle 3.14b:	Anzahl der ausgewerteten molekularen Banden in Abhängigkeit des Markersystems und Pflanzenmaterials sowie der „minor allele frequency“	56
Tabelle 3.15:	Häufigkeiten der Akzessionen von <i>Petroselinum crispum</i> nach infraspezifischen Taxa und Zugehörigkeiten zu molekularen Clustern	59
Tabelle 3.16:	Korrelationen des molekularen Clusters zu morphologischen Merkmalen	60
Tabelle 3.17:	Korrelationen der molekularen Cluster zum Befall durch <i>S. petroselini</i> und <i>P. petroselini</i>	60
Tabelle 3.18:	Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zu molekularen Clustern der Petersilien-Akzessionen	62
Tabelle 3.19:	Anzahl der Akzessionen der Gesamtpopulation Petersilie, pro Untergruppe und Anzahl der polymorphen molekularen Marker mit / ohne „minor allele frequency“ von 5 %	65
Tabelle 3.20a:	Absolute Häufigkeiten der Genotypen nach Wahrscheinlichkeiten für die Zugehörigkeit zur Untergruppe Q1 und nach infraspezifischen Taxa	66
Tabelle 3.20b:	Absolute Häufigkeiten der Genotypen nach Wahrscheinlichkeiten für die Zugehörigkeit zur Untergruppe Q2 und nach infraspezifischen Taxa	66
Tabelle 3.21:	Assoziationen aller für die MTA-Berechnung verwendeten molekularen Marker der Gesamtpopulation-Petersilie und der Assoziationen aller polymorphen molekularen Marker für jede der beiden Untergruppen	68
Tabelle 3.22:	Molekulare Markerkandidaten für ausgewählte morphologische Merkmale mit korrigierter Irrtumswahrscheinlichkeit und Effekt	69
Tabelle 3.23:	Molekulare Markerkandidaten für die Anfälligkeit gegen <i>S. petroselini</i> und <i>P. petroselini</i> mit korrigierter Irrtumswahrscheinlichkeit und Effekt	69

Tabelle 3.24a: Molekulare Marker Kandidaten für ausgewählte volatile organische Verbindungen mit tendenziell höherem Gehalt im molekularem Cluster 2 des Dendrogramms mit korrigierter Irrtumswahrscheinlichkeit und Effekt	70
Tabelle 3.24b: Molekulare Marker Kandidaten für ausgewählte volatile organische Verbindungen mit tendenziell höherem Gehalt im molekularem Cluster 1 des Dendrogramms mit korrigierter Irrtumswahrscheinlichkeit und Effekt	71
Tabelle 3.25: Assoziationen der 41 molekularen Marker Kandidaten für die morphologischen Merkmale, die Anfälligkeit durch <i>S. petroselini</i> und <i>P. petroselini</i> und die volatilen organischen Verbindungen	72
Tabelle 3.26: Häufigkeiten der Landrasse-Typen nach infraspezifischen Taxa	73
Tabelle 3.27: Häufigkeiten der Landrasse-Typen nach geographischer Herkunft, insgesamt und nach Zugehörigkeit zu den molekularen Clustern	74
Tabelle 3.28: Anzahl der bonitierten Prüfglieder sowie ausgewählte Lage- und Streuungsmaße bezüglich des Befalls durch <i>S. petroselini</i> und <i>P. petroselini</i> der LR-Typen	74
Tabelle 3.29: Korrelationen zwischen dem Befall durch <i>S. petroselini</i> bzw. <i>P. petroselini</i> und dem Ereignis – LR-Typ: ja oder nein	75
Tabelle 3.30: Anzahl der bonitierten Prüfglieder sowie ausgewählte Lage- und Streuungsmaße bezüglich des Befalls durch <i>S. petroselini</i> und <i>P. petroselini</i> der LR-Typen nach der geographischen Herkunft	75
Tabelle 3.31: Häufigkeiten der LR-Typen nach infraspezifischen Taxa und geographischen Herkünften	76
Tabelle 3.32: Anzahl der bonitierten Prüfglieder und ausgewählte Lage- und Streuungsmaße bezüglich des Befalls durch <i>S. petroselini</i> nach Boniturnote sowie mittlerer AUDPC in weiteren Versuchen	77
Tabelle 3.33: <i>S. petroselini</i> -Befall nach Boniturnoten mit Rangfolge der Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch ähnlich den Resistenzversuchen <i>S. petroselini</i> 08/3, VPc08/301 und VPc09/311	79
Tabelle 3.34: <i>S. petroselini</i> -Befall nach Boniturnoten zu drei Terminen und mittlere AUDPC mit Rangfolge der Prüfglieder des Tests auf Resistenz gegen <i>S. petroselini</i> in der Klimakammer 08/3 sowie die geprüfte EP-Anzahl pro PG	80
Tabelle 3.35: <i>S. petroselini</i> -Befall nach Boniturnoten zu drei Terminen und mittlere AUDPC mit Rangfolge der Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc08/301	81
Tabelle 3.36: <i>S. petroselini</i> -Befall nach Boniturnoten zu fünf Terminen und mittlere AUDPC mit Rangfolge der Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc09/311	82
Tabelle 3.37: Lage- und Streuungsmaße der Gehalte volatiler organischer Verbindungen der Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch VPc07/31 ähnlich den weiteren Resistenzversuchen VPc08/301 und VPc09/311 bezüglich <i>S. petroselini</i>	84
Tabelle 3.38: Lage- und Streuungsmaße der Gehalte volatiler organischer Verbindungen der Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc08/301	84
Tabelle 3.39: Lage- und Streuungsmaße der Gehalte volatiler organischer Verbindungen der Prüfglieder des Feldresistenzversuches VPc09/311	85

Tabelle 3.40: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum <i>S. petroselini</i> -Befall nach Boniturnoten in der Genotypenauswahl aus dem Weltsortimentsversuch VPc07/31 ähnlich den Resistenzversuchen VPc08/301 und VPc09/311	86
Tabelle 3.41: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum <i>S. petroselini</i> -Befall nach Boniturnoten und mittlerer AUDPC im Feldresistenzversuch VPc08/301	87
Tabelle 3.42: Korrelationen volatiler organischer Verbindungen zum <i>S. petroselini</i> -Befall nach Boniturnoten und mittlerer AUDPC im Feldresistenzversuch VPc09/311	88
Tabelle 3.43: Kreuzungskombination in Bezug auf den Befall durch <i>S. petroselini</i> mit Anzahl der molekular geprüften Einzelpflanzen und der bestimmten Kreuzungsnachkommen sowie Erfolgsquote	88
Tabelle 3.44: Lage- und Streuungsmaße des <i>S. petroselini</i> -Befalls der Prüfglieder im F ₁ -Nachkommen (resistent x anfällig)-Klimakammerresistenztests <i>S. petroselini</i> 08/1 mit EP-Anzahlen sowie statistischen Gruppierungen.....	90
Tabelle 3.45: Lage- und Streuungsmaße des <i>S. petroselini</i> -Befalls der Prüfglieder im F ₂ -Nachkommenschaft-Klimakammerresistenztest <i>S. petroselini</i> 10/4 mit EP-Anzahlen sowie statistischen Gruppierungen.....	91
Tabelle 3.46: Anpassung mittels χ^2 -Test von beobachteten versus erwarteten Häufigkeiten der F ₂ -Familien (1, 2 und 3) aus dem Test auf Resistenz gegen <i>S. petroselini</i> in der Klimakammer 10/4 an postulierte Spaltungsverhältnisse von 3:1 für einen monogenen, dominant/rezessiven Erbgang bei angenommenen Grenzwerten des Blattbefalls für die Einteilung in anfällige und resistente Klassen	94

Danksagung

Die dieser Arbeit zu Grunde liegenden Versuche erfolgten im Rahmen des Drittmittelprojektes „Entwicklung und Charakterisierung von Petersilienlinien (*Petroselinum crispum*) mit Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*)“ im Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst – Quedlinburg (ZGO-Q) des Julius Kühn-Institutes (JKI), gefördert durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft (BLE) im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV). Ein im Jahr 2007 gemeinsam vom ZGO-Q und der Bundeszentralen *ex situ* Genbank im Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben angelegter Vergleichsanbau lieferte ebenfalls wesentliche Ergebnisse. Im Folgenden möchte ich die Menschen benennen, die einen Anteil am Gelingen meiner Arbeiten haben, obwohl hier leider nicht wirklich jeder Helfende genannt werden kann. Bedanken möchte ich mich bei Herrn **Dr. G. Schumann** (ZGO-Q) für die Ermöglichung der Bearbeitung der Thematik und Herrn **Dr. F. Marthe** (ZGO-Q) für die Betreuung und Überlassung des Themas der Dissertation. Herrn **Prof. Dr. habil. K. Pillen** (Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg) danke ich für die Übernahme der Betreuung des Themas als Hauptgutachter. Weiterer Dank gilt Herrn **Dr. habil. W.D. Blüthner** (Fa. N.L. Chrestensen) für die Begutachtung dieser wissenschaftlichen Arbeit und für die konstruktive Zusammenarbeit, die zu sehr guten Ergebnissen geführt hat, welche aus Kapazitätsgründen jedoch nicht gänzlich in diese Dissertation einfließen konnten. Herrn **Priv. Doz. Dr. habil. A. Börner** (Bundeszentrale *ex situ* Genbank des IPK, Gatersleben) möchte ich für die Begutachtung meiner Dissertation herzlichen Dank aussprechen. Frau **K. Müller** und Frau **M. Fuß** (ZGO-Q) danke ich für die Durchführung der molekularen Analysen, ganz besonders Herrn **Dr. H. Budahn** darüber hinaus für die Einführung in die Software NTSYSpc. Herrn **Dr. D. Ulrich** und Frau **K. Weiß** („Institut für Ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz“ – ÖPV, JKI Quedlinburg) gilt mein Dank für die Durchführung der Analysen der volatilen organischen Verbindungen und die anregende Zusammenarbeit. Frau **Dr. U. Lohwasser** und Frau **R. Kurch** (Genbank des IPK-Gatersleben) sage ich danke für die Bereitstellung der Genbankakzessionen und die Erhebung der morphologischen Merkmale innerhalb des Vergleichsanbaus Weltsortiment-Petersilie. Herr **Dr. H. Krüger** und Frau **B. Zeiger** (ÖPV) halfen mir mit der Erhebung der ätherischen Ölgehalte, die trotz der guten Ergänzung zu den vorliegenden Ergebnissen aus Platzgründen in diese Arbeit nicht eingehen konnten. Meine Verbundenheit möchte ich weiterhin Frau **Dr. K. Neumann** (IPK-Gatersleben) für die Einführung in die Software TASSEL und structure und Herrn **Dr. E. Schliephake** (Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, JKI Quedlinburg) für die Durchführung der Varianzkomponentenanalyse mit SAS ausdrücken. Ein umfassender Dank gilt meiner Frau **Astrid**, die mich in der gesamten Zeit der Erstellung der Dissertation unterstützt hat.

Publikationsliste**begutachtete Veröffentlichungen: Artikel**

Marthe F, Bruchmüller T, Börner A, Lohwasser U (2012) Variability in parsley (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nyman) for reaction to *Septoria petroselini* Desm., *Plasmopara petroselini* Sävul. & O. Sävul. and *Erysiphe heraclei* DC. ex. Saint-Aman causing *Septoria* blight, downy mildew and powdery mildew. Genetic Resources and Crop Evolution: 16 pp. DOI 10.1007/s10722-012-9897-4.

Ulrich D, Bruchmüller T, Krüger H, Marthe F (2011) Sensory Characteristics and Volatile Profiles of Parsley (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nym.) in Correlation to Resistance Properties against *Septoria* Blight (*Septoria petroselini*). Journal of Agricultural and Food Chemistry 59(19): 10651-10656.

Lohwasser U, Struckmeyer T, Budahn H, Krüger H, Ulrich D, Börner A, Marthe F (2010a) The German parsley germplasm collection - Interaction of morphological, molecular and phytochemical characters. Acta Horticulturae 860: 235-240.

sonstige Veröffentlichungen: Tagungsbeiträge als Erstautor- Poster

Struckmeyer T, Budahn H, Ulrich D, Krüger H, Börner A, Lohwasser U Marthe F (2010) Characterization of variability in parsley (*Petroselinum crispum*) and association studies. In GPZ (Hg.) Proceedings. 10. GPZ Haupttagung, 15.-17.03.2010, Freising-Weihenstephan, S. 45.

Struckmeyer T, Budahn H, Ulrich D, Krüger H, Börner A, Lohwasser U, Marthe F (2009) Genetic association studies in parsley (*Petroselinum crispum*) based on genetic variability. In IPB (ed.) Book of Abstracts. Plant Science Student Conference, 23.-26.06.2009, Leibniz Institute of Plant Biochemistry Halle, Halle (Saale), p. 89.

Struckmeyer T, Budahn H, Ulrich D, Lohwasser U, Krüger H; Hoberg E, Schrader O, Börner A, Marthe F (2008) Beiträge zur Charakterisierung der genetischen Variabilität in Petersilie (*Petroselinum crispum*). In DGQ (Hg.) Tagungsband. 43. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) e.V.: „Qualität durch Vielfalt - Biodiversität als Basis für hochwertige pflanzliche Rohstoffe“, 17.-18.03.2008, Julius Kühn-Institut, Quedlinburg, S. 47-48.

Struckmeyer T, Blüthner, W-D, Marthe F (2008) Entwicklung und Charakterisierung von Petersilienlinien (*Petroselinum crispum*) mit Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*). In DFA (Hg.) Proceedings. Gemeinsame Tagung - 18. Bernburger Winterseminar und 5. Fachtagung Arznei- und Gewürzpflanzen: „Qualität, Wirtschaftlichkeit und Nachhaltigkeit“, 18.-21.02.2008, Bernburg-Strenzfeld, S. 28-29.

Tagungsbeiträge - Vorträge

Bruchmüller T, Marthe F, Blüthner W-D (2010) Entwicklung, Charakterisierung und züchterische Nutzung von Petersilienlinien (*Petroselinum crispum*) mit Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*). In BLE (Hg.) Book of Abstracts. Innovationstage BLE, 06.-07.10.2010, BLE, Berlin, S. 66-69.

Bruchmüller T, Blüthner W-D, Marthe F (2010): Züchterische Nutzung und genetische Grundlagen der *Septoria*-Resistenz (*Septoria petroselini*) in Petersilie (*Petroselinum crispum*), Teil 1: Untersuchungen zur Resistenz. In GPZ (Hg.) Book of Abstracts. Gemeinsame Tagung der Arbeitsgruppe Gemüse (16) und Arznei- und Gewürzpflanzen (17) der GPZ und der Abteilung Gemüse, Heil- und Gewürzpflanzen der GFP, 07.-08.09.2010, Erfurt, S. 9-10.

Struckmeyer T (2010) Charakterisierung der Variabilität in Petersilie (*Petroselinum crispum*). Vavilov-Seminar, 13.04.2010, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben.

Struckmeyer, T, Marthe F, Blüthner W-D (2010): Der lange Weg vom Ausgangsmaterial zur *Septoria*-resistenten Petersiliensorte. In DPG (Hg.) Book of Abstracts. 11. Sitzung der Projektgruppe „Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen“ des Arbeitskreises „Phytomedizin im Gartenbau“ der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft, 23.02.2010, Bernburg-Strenzfeld, S. 4-5.

Struckmeyer T, Marthe F (2008) Züchterische Nutzung von Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattflecken (*Septoria petroselini*) an Petersilie (*Petroselinum crispum*). In JKI (Hg.) Mitteilungen aus dem Julius Kühn-Institut. 1. Nachwuchswissenschaftler-Forum des Julius Kühn-Instituts, 24.-26.11.2008, Quedlinburg, S. 23-24.

Struckmeyer T (2008): Züchterische Nutzung von Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattflecken (*Septoria petroselini*) an Petersilie (*Petroselinum crispum*). GFP-Jahrestagung, Abteilung - Gemüse, Arznei und Gewürzpflanzen, 04.-06.11.2008, Bonn.

Struckmeyer T, Blüthner W-D, Marthe F (2008) Entwicklung und Charakterisierung von Petersilienlinien (*Petroselinum crispum*) mit Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*). In BLE (Hg.) Tagungsband BLE. Innovationstage, 15.-16.04.2008, BLE, Bonn, S. 42-43.

Kolloquien- und Seminarbeiträge - Vorträge

Bruchmüller T: Charakterisierung eines Weltsortimentes von Petersilie (*Petroselinum crispum*) und Marker-Merkmal-Assoziationen in Bezug zu Resistenz bzw. Anfälligkeit gegen ökonomisch bedeutende Phytopathogene. Oberseminar, 03.02.2011, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle (Saale).

Struckmeyer, T.: Untersuchungen zur Variabilität in Petersilie (*Petroselinum crispum*) und Erschließung von Resistenz gegen *Septoria petroselini*. Standortkolloquium, 15.04.2010, Julius Kühn-Institut, Quedlinburg.

Struckmeyer, T.: Untersuchungen zur Variabilität in Petersilie (*Petroselinum crispum*). Oberseminar, 21.01.2010, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle (Saale).

Struckmeyer T: Entwicklung und Charakterisierung von Petersilienlinien (*Petroselinum crispum*) mit Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*). Oberseminar, 18.12.2008, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle (Saale).

Struckmeyer T: Züchterische Nutzung von Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattflecken (*Septoria petroselini*) an Petersilie (*Petroselinum crispum*). Standortkolloquium, 16. Oktober 2008, Julius Kühn-Institut, Quedlinburg.

weitere Tagungsbeiträge als Koautor:

Budahn H, Bruchmüller T, Ulrich D, Krüger H, Lohwasser U, Marthe F (2011) Charakterisierung der intraspezifischen Variabilität bei Petersilie mittels molekularer Marker sowie klassischer und nicht zielgerichteter Bestimmung flüchtiger Inhaltsstoffe. In DFA (Hg.) Book of Abstracts. 6. Fachtagung Arznei- und Gewürzpflanzen, 19.-22.09.2011, Berlin, S. 217-220.

Marthe F, Bruchmüller T, Blüthner W-D (2011) Leistungspotential *Septoria*-resistenter Petersilienlinien. In Reichardt I, Hoppe B (SALUPLANTA e.V. Bernburg) (Hg.) Kurzfassung der Referate und Poster. 21. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzen Produktion, 22.-23.02.2011, Bernburg, S. 25-26.

Lohwasser U, Budahn H, Ulrich D, Krüger H, Hoberg E, Struckmeyer T, Schrader O, Börner A, Marthe F (2009) Characterisation and evaluation of the German parsley assortment as a basis for breeding purposes. In EUCARPIA (ed.) Proceedings of the 18th EUCARPIA General Congress, 09.-12.09.2009, Valencia, Spanien, p. 173.

Marthe F, Bruchmüller T, Blüthner W-D (2010) Züchterische Nutzung und genetische Grundlagen der *Septoria*-Resistenz (*Septoria petroselini*) in Petersilie (*Petroselinum crispum*) – Struktur des Verbundprojektes. In GPZ (Hg.) Book of Abstracts. Gemeinsame Tagung der Arbeitsgruppe Gemüse (16) und Arznei- und Gewürzpflanzen (17) der GPZ und der Abteilung Gemüse, Heil- und Gewürzpflanzen der GFP, 07.-08.09.2010, Erfurt, S. 7-8.

Blüthner W-D, Bruchmüller T, Marthe F (2010) Züchterische Nutzung und genetische Grundlagen der *Septoria*-Resistenz (*Septoria petroselini*) in Petersilie (*Petroselinum crispum*) – Teil 2: Untersuchungen zu agronomischen Merkmalen, Kreuzungen und Isolationen. In GPZ (Hg.) Book of Abstracts. Gemeinsame Tagung der Arbeitsgruppe Gemüse (16) und Arznei- und Gewürzpflanzen (17) der GPZ und der Abteilung Gemüse, Heil- und Gewürzpflanzen der GFP, 07.-08.09.2010, Erfurt, S. 11-12.

Lohwasser U, Bruchmüller T, Budahn H, Krüger H, Ulrich D, Börner A, Marthe F (2010) Ergebnisse eines Genpoolscreenings bei Petersilie (*Petroselinum crispum* (Mill.) Nyman) hinsichtlich wirtschaftlich bedeutsamer Merkmale. In GPZ (Hg.) Book of Abstracts. Gemeinsame Tagung der Arbeitsgruppe Gemüse (16) und Arznei- und Gewürzpflanzen (17) der GPZ und der Abteilung Gemüse, Heil- und Gewürzpflanzen der GFP, 07.-08.09.2010, Erfurt, S. 4.

Budahn H, Ulrich D, Lohwasser U, Struckmeyer T, Krüger H, Börner A, Marthe F (2008b) Charakterisierung der genetischen Variabilität bei Petersilie (*Petroselinum crispum*). In Hoffmann S, Herrmann A, Taube F (Hg.) Vorträge für Pflanzenzüchtung - Kurzfassungen der Vorträge und Poster. Gemeinsame Tagung der GPZ und GPW, 01.-02. Oktober 2008, Göttingen: Biodiversität in der Pflanzenproduktion, S. 257-258

Ulrich D, Krüger H, Budahn H, Struckmeyer T, Marthe F, Lohwasser U (2008) Characterisation of volatile metabolites in a gene bank collection of parsley by a non-targeted analysis approach. In JKI/GDCh (ed.) Book of Abstracts. 39th International Symposium on Essential Oils (ISEO), 07.-10.09.2008, Quedlinburg, p. 64.

Marthe F, Krüger H, Budahn H, Struckmeyer T, Ulrich D, Lohwasser U (2008) Evaluation of a parsley (*Petroselinum crispum*) world collection – Essential oil components in relation to genetic distances. In JKI/GDCh (ed.) Book of Abstracts. 39th International Symposium on Essential Oils (ISEO), 07.-10.09.2008, Quedlinburg, p. 35.

Ulrich D, Budahn H, Struckmeyer T, Marthe F, Krüger H, Lohwasser U (2008) Diversity of volatile patterns in a gene bank collection of parsley (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nyman). In Blank I, Wüst M, Yeretian C (eds.) Proceedings of the 12th Weurman Symposium: Expression of Multidisciplinary Flavour Science, 01.-04.07.2008, Interlaken (Switzerland), pp. 383-386.

Lohwasser U, Struckmeyer T, Budahn H, Krüger H, Hoberg E, Schrader O, Börner A, Marthe F (2008) Untersuchungen am Weltsortiment Petersilie (*Petroselinum crispum* (Mill.) Nyman) im Vergleichsanbau an zwei Standorten. In DFA (Hg.) Proceedings. 18. Winterseminar und 5. Fachtagung Arznei- und Gewürzpflanzen: „Qualität, Wirtschaftlichkeit und Nachhaltigkeit“, 18.-21.02.2008, Bernburg, S. 13-14.

Budahn H, Struckmeyer T, Lohwasser U, Ulrich D, Krüger H, Marthe F (2008) Distance analysis of 220 parsley genotypes (*Petroselinum crispum* (Mill.) Nyman) using RAPD-, dpRAPD- and SRAP-markers. In Touraev A (ed.) Book of Abstracts. International Conference Molecular Mapping & Marker Assisted Selection in Plants, 03.-06.02.2008, Vienna University, Department of Plant Molecular Biology, Austria, p. 31.

Lohwasser U, Struckmeyer T, Budahn H, Krüger H, Hoberg E, Ulrich D, Schrader O, Börner A, Marthe F (2007) Cultivation of the parsley assortment (*Petroselinum crispum* (Mill.) Nyman) in two different places – collaboration between IPK and BAZ. – Institutstag IPK, 22.-23.10.2007, Gatersleben.

Lebenslauf

Persönliche Daten:

Name: Tobias Bruchmüller (geb. Struckmeyer)
Geburtstag und –ort: 21.12.1977 in Quedlinburg
Nationalität: deutsch
Wohnort: Käthe-Kollwitz-Straße 16, 06484 Quedlinburg
Familienstand/Kinder: verheiratet, ein Kind

Tätigkeiten:

seit 05 2012 Elternzeit und Fertigstellung der Dissertation
12 2011 - 04 2012 IPK Gatersleben, wissenschaftlicher Assistent
06-07 2011 SW Seed Hadmersleben GmbH, Züchtungsassistent
2010 – 2011 JKI Quedlinburg, Volontär, Erstellung der Dissertation
2007 – 2010 ZGO-Q - JKI, wissenschaftlicher Angestellter
2005 – 2007 Agrargenossenschaft (AG) Burgscheidungen/Laucha,
Sachbearbeiter für Prämien, Flächen- und Tierverwaltung
2004 - 2005 Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, GUBB-Halle
(Saale)-Unternehmensberatung, Netragon – Beratung im
Pflanzenschutz, Pflanzenbau/ -schutz - AG Hedersleben

Studium:

1998 – 2004 Agrarwissenschaften, Martin – Luther – Universität Halle
Wittenberg (MLU), Hauptfach „Wirtschafts- und
Sozialwissenschaften des Landbaus“,
Diplomarbeit: „Bewertung ausgewählter Verfahren der
konservierenden Bodenbearbeitung sowie der Direktsaat“,
Abschluss: Dipl. Ing. agr.

Wehrdienst und Freiwilliges Soziales Jahr:

1997 – 1998 Freiwilliges Soziales Jahr, DRK - Quedlinburg
1996 – 1997 Grundwehrdienst - Munster

Schulzeit:

1991 - 1996 Süderstadt Gymnasium, Quedlinburg, Abschluss: Abitur
1984 – 1991 POS – Bernhard Koenen, Quedlinburg

Quedlinburg, den 2013

(Tobias Bruchmüller)

Erklärung

Ich erkläre an Eides statt, dass ich die vorliegende Dissertation selbständig und ohne fremde Hilfe verfasst habe. Andere als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel wurden nicht benutzt. Die den benutzten Werken wörtlich oder inhaltlich entnommenen Stellen wurden als solche kenntlich gemacht.

Quedlinburg, den 2013

Tobias Bruchmüller

