## Apfelsorten in der DGO und in europäischen Genbanken

# Chancen genetischer Fingerprints für die Bestimmung von Apfelsorten

## Teil 2: Verwandtschaftsverhältnisse

*Hans-Joachim Bannier*

**Parallel zur zweiten pomologischen Bestimmung der Apfelsorten der Deutschen Genbank Obst (DGO) 2017–2021 waren von der Bundesanstalt Landwirtschaft und Ernährung (BLE) molekulargenetische Fingerprints aller Apfelsorten der DGO in Auftrag gegeben worden (BLE-FKZ 2816BE008). Die sog. SSR-(single sequence repeat)-Fingerprints wurden erstellt durch das Schweizer Labor Ecogenics. In der Datenbank der DGO sind inzwischen die Fingerprints von ca. 1.440 Apfelsorten erfasst, von denen rund 1.100 pomologisch sicher oder unter Vorbehalt namentlich identifiziert sind.**

**Im November 2018 bekamen wir (Werner Schuricht und Hans-J. Bannier) im Rahmen unseres Auftrags zur pomologischen Bestimmung der Apfelsorten seitens der DGO auch Einsicht in die Fingerprint-Ergebnisse. Die zur Verfügung gestellte Tabelle genetischer Fingerprints enthält die Zuordnung der einzelnen untersuchten Blattproben zu sog. „Md-Gruppen" (= Akzessionen mit identischem genetischem Profil = Sorten) mit jeweiliger Md-Nummer, sowie darüber hinaus bei jeder Probe auch die Einzeldaten der 17 untersuchten Gen-Orte (Loci).**

Mithilfe genetischer Fingerprints können nur dann Apfelsorten bestimmt werden, wenn die verwendeten Referenzmuster zuvor einer gründlichen historisch-pomologischen Sortenprüfung unterzogen worden und sicher bestimmt worden sind – das war die Quintessenz dessen, was der Autor dieser Zeilen im Jahresheft 2022 über die Möglichkeiten und Grenzen genetischer Fingerprints für die Sortenbestimmung berichtet hat. Im zweiten Teil geht es nun darum, welche Verwandtschaftsverhältnisse zwischen Apfelsorten aus den Daten der Fingerprints abgelesen werden können und wie dies für die Sortenbestimmung historischer Sorten genutzt werden kann.

Diploide Apfelsorten weisen an allen untersuchten Gen-Orten der genetischen Fingerprints jeweils zwei Allele auf, von denen jeweils eines von der Mutter- und das andere von der Vatersorte vererbt wurde. Triploide Apfelsorten haben bei einem Teil der 17 Gen-Orte drei statt zwei Allele, von denen zwei von der einen und eines von der anderen Elternsorte vererbt wurde.

Wenn also 2 Apfelsorten an allen 17 Gen-Orten jeweils mindestens ein übereinstimmendes Allel aufweisen, dürfte es sich mit hoher Wahrscheinlichkeit um eine Eltern-Nachkommen-Beziehung handeln. Welche der beiden Sorten dabei die Elternsorte und welche das Kind ist, lässt sich aus den Fingerprintdaten allerdings nicht ablesen. Hier hilft in erster Linie der historische Kontext weiter – danach können *Prinzenapfel* und *Boikenapfel* historisch nur die Eltern von *Finkenwerder Prinz* sein und nicht umgekehrt.

Wer von den beiden jedoch die Vatersorte ist und wer die Muttersorte des *Finkenwerder*, lässt sich aus den Fingerprint-Daten ebenfalls nicht ablesen.

| Sortenname DGO | Eindeute | Ch01f07a_FAM | | | CH03d07_At532 | | | GD12_FAM | | | CH02d08_At5 | | | CH05e03_At550 | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Prinzenapfel | MD_0457/ | 185 | 191 | 0 | 188 | 206 | 0 | 148 | 148 | 0 | 213 | 255 | 0 | 172 | 172 | 0 |
| Prinzenapfel | MD_0457/ | 185 | 191 | 0 | 188 | 206 | 0 | 148 | 148 | 0 | 213 | 255 | 0 | 172 | 172 | 0 |
| Finkenwerder Prinz | MD_0459 | 185 | 202 | 0 | 206 | 226 | 0 | 148 | 181 | 0 | 230 | 255 | 0 | 159 | 172 | 0 |
| Finkenwerder Prinz | MD_0459 | 185 | 202 | 0 | 206 | 226 | 0 | 148 | 181 | 0 | 230 | 255 | 0 | 159 | 172 | 0 |
| Boikenapfel | MD_0178 | 193 | 202 | 0 | 226 | 226 | 0 | 152 | 181 | 0 | 214 | 230 | 0 | 159 | 159 | 0 |
| Boikenapfel | MD_0178 | 193 | 202 | 0 | 226 | 226 | 0 | 152 | 181 | 0 | 214 | 230 | 0 | 159 | 159 | 0 |

*Abb. Datenauszug Fingerprints Finkenwerder Prinz: Jeweils eines der Allele wurde vom Prinzenapfel und das andere vom Boikenapfel geerbt*
*Fotos (alle d. Artikels): Hans-J. Bannier*

### Eltern-Kind-Beziehungen als Hilfe bei der Sortenbestimmung

Wie die Möglichkeit der Ermittlung von Eltern-Kind-Beziehungen mittels genetischer Fingerprints (FP) in Verbindung mit pomologischen Kenntnissen bzw. Kenntnissen über die Züchtungsgeschichte beim Apfel für die Sortenbestimmung genutzt werden konnte, sei im Folgenden an einigen Beispielen aus der pomologischen Bestimmung der Apfelsorten der Deutschen Genbank Obst (DGO) erläutert:

**1.** Pomologisch erschien die Sortenechtheit der rein grundfarbigen Apfelsorte *Potts Seedling* am DGO-Standort Triesdorf (Tri-13-33+34) zwar plausibel, war anhand der vorliegender Literaturreferenzen jedoch nicht mit letzter Sicherheit zu klären, da *Potts Seedling* nicht über die prägnanten sortentypischen Merkmale verfügt, die eine Bestimmung eindeutig absichern. Allerdings ist aus den Literaturquellen bekannt, dass *Potts Seedling* ein Elternteil der Sorte *James Grieve* sein soll (der andere Elter *Cox Orange*). Die Gegenüberstellung der FP-Datensätze aller drei Sorten ermöglichte nun die zweifelsfreie Feststellung, dass die Triesdorfer Akzession *Potts Seedling* tatsächlich eine der beiden Elternsorten von *James Grieve* (und *Cox Orange* der andere Elter) ist. Mit diesem zusätzlichen Indiz konnte die Akzession (statt „sortenecht unter Vorbehalt") nun als „sortenecht" bestätigt werden.

**2.** Die Pillnitzer Akzession Pi-07-61+62, dort fälschlich als *Roter Münsterländer Borsdorfer* deklariert, konnte von uns pomologisch nicht identifiziert werden und wurde als „unbekannt" klassifiziert. In Müncheberg stand dieselbe Sorte unter der Falschbezeichnung *Gärtnermeister Simon* (Mü-Bö-28-11 u. Mü-III/8-12-64). Da die Früchte uns bei der pomologischen Begutachtung geschmacklich etwas an *Cox Orange* erinnerten, verglichen wir ihre FP-Einzeldaten mit den Daten von *Cox Orange* – tatsächlich erwies sich letztere als Elternteil der unbekannten Sorte. Wer aber konnte der zweite Elternteil sein? Wir verglichen daher die FP-Einzeldaten mit denen einiger optisch ähnlich aussehender Sorten und wurden schließlich bei der Sorte *Lanes Prinz Albert* fündig, die sich als der zweite – komplementär passende – Elternteil unserer Akzession erwies. Eine Kreuzung von *Cox Orange* x *Lanes Prinz Albert* hat es in der Züchtungsgeschichte bisher nur einmal gegeben: Die englische Züchtung *Bountiful* (East Malling, 1964). Die Sorte wird bei SANDERS (2012) beschrieben, desgleichen bei

*Abb. Die Analyse genetischer Verwandtschaften half bei ihrer Identifizierung (v. o.): Potts Seedling, Bountiful, Novogodnee Jabloko („Neujahrsapfel“)*

*www.fruitid.com*, wo auch ihre FP-Daten veröffentlicht sind. Neben der Beschreibung der Sorte haben wir auch diese FP-Daten mit denen unserer unbekannten Sorte verglichen und finden die Identität der Sorte *Bountiful* eindeutig bestätigt!

**3.** Schon seit Jahrzehnten befindet sich in der DGO-Sammlung Pillnitz ein *Neujahrsapfel*, dessen Herkunft und Identität völlig unklar waren. Da sich in der deutsch- und englischsprachigen Sortenliteratur keinerlei Hinweis auf einen *Neujahrsapfel* fand, haben wir – da einst auch einige Sorten aus sowjetischer Herkunft ihren Weg nach Pillnitz gefunden hatten – versuchsweise einmal den Namen ins Russische übersetzt und in russischen Quellen gesucht. Tatsächlich finden sich bei SIMIRENKO (POMOLOGIJA, BD. 1, 1972) gleich 5 Sorten mit dem Namensbestandteil *Novogodnee* (Neujahrs-), allerdings ohne Abbildung und ohne ausführliche Fruchtbeschreibung – dafür aber teilweise mit Angabe der Abstammung. Bei der Sorte *Novogodnee Jabloko* (*Neujahrsapfel*, Züchtung der Versuchsstation in Mleev, Ukraine) sind als Elternsorten *London Pepping* x *Mc Intosh* angegeben. Ein Vergleich der Fingerprint-Daten unseres Pillnitzer *Neujahrsapfel* mit denen dieser beiden Sorten bestätigte die angegebenen Elternschaften schließlich eindeutig.
Würde man mittels eines Computerprogramms sämtliche Eltern-Kind-Beziehungen unter den verschiedenen Apfelakzessionen der DGO ermitteln, könnte man – Kenntnisse der Züchtungsgeschichte des Apfels vorausgesetzt – auf diese Weise sicherlich Anhaltspunkte erhalten, um die Identität weiterer, bisher nicht identifizierter DGO-Akzessionen zu ermitteln.

## Auffinden verschollener Apfelsorten

So könnten aus der Fülle namentlich bislang un-identifizierter Sorten der DGO evt. weitere, bislang verschollene Apfelsorten ermittelt werden. Denn sofern bei verschollenen Sorten z. B. in der Literatur Angaben über deren Elternsorten oder Nachkommen existieren, könnte man ihre Fingerprint-Daten aus deren Eltern- oder Nachkommensorten „rekonstruieren“ und die auf diese Weise rekonstruierten Daten könnten anschließend mit dem Datenbestand der DGO bzw. Europa abgeglichen werden. Dies sei an einem Beispiel dargestellt:
Die Sorte *Peter Matthias*, im 19. Jahrhundert im Rheinland bekannt, gilt heute als verschollen. Jedoch ist von der Sorte *Creo* (einer Züchtung Diedrich Uhlhorns um 1900) bekannt, dass sie aus einer Kreuzung der Sorten *Peter Matthias* x *Kaiser Alexander* hervorgegangen sein soll. Aus den Fingerprint-Daten der Tochtersorte *Creo* sowie den Daten der Creo-Vatersorte *Kaiser Alexander* lässt sich jedoch ein Teil des Datensatzes der Sorte *Peter Matthias* rekonstruieren (je 1 Allel an jedem der 17 Gen-Orte). Mithilfe eines Computerprogramms könnte dieser Datensatz mit dem gesamten Datenbestand der DGO abgeglichen und ermittelt werden, ob eine – womöglich bisher nicht namentlich identifizierte – Sorte der DGO identische Daten an den jeweiligen Gen-Orten aufweist.

*Abb. (v. o.) Dülmener Rosenapfel: nicht aus Gravensteiner, sondern aus Weißer Astrachan entstanden; Irrtümliche Elternangaben zuweilen auch bei modernen Züchtungssorten: Pimona und Havelgold*

## Elternangaben nicht immer zutreffend

Bei solchen Überlegungen muss allerdings bedacht werden, dass die Elternangaben früherer Züchter nicht in jedem Fall stimmen müssen, sei es, weil die Elternangaben in früheren Zeiten nur vermutet wurden, sei es, weil Züchter sich in ihren Angaben – aus welchen Gründen auch immer – geirrt haben.

So werden in der alten Literatur teilweise triploide Apfelsorten (wie z. B. *Goldrenette von Blenheim*, *Ribston Pepping* oder *Gravensteiner*) als mutmaßliche Elternsorten angegeben, was sich anhand der Erkenntnisse aus genetischen Fingerprints – nach gegenwärtigem Kenntnisstand – als nicht zutreffend erweist. So ist etwa *Dülmener Rosenapfel* nicht aus *Gravensteiner* hervorgegangen, sondern aus *Weisser Astrachan*, und *Cox Orange* nicht aus *Ribston Pepping*, sondern aus *Muskatrenette*.

Folgt man den Erkenntnissen der Molekulargenetik, sind triploide Sorten in der Züchtungsgeschichte der Apfelsorten de facto nur äußerst selten als Elternsorten in Erscheinung getreten, was wohl damit zusammenzuhängen scheint, dass ihre Samen nur schlecht keimfähig sind. Verwunderlich ist vor diesem Hintergrund allerdings, dass sich die englischen Pomologen des 19. Jahrhunderts, deren Angaben über die Abstammung ihrer Sorten ansonsten zumeist zutreffen, in diesem Punkt geirrt zu haben scheinen. Denn nach dem National Apple Register of the United Kingdom (SMITH 1971) soll allein die triploide *Goldrenette von Blenheim* als Elter an 25 englischen Apfelsorten beteiligt gewesen sein (Appendix S. 639) und der ebenfalls triploide *Ribston Pepping* an 14 Sorten (ebd., S. 649).

Erstaunlicher erscheint die Tatsache, dass auch bei Sorten, die aus gezielter Züchtung hervorgegangen sind bzw. sein sollen, teilweise falsche Elternsorten angegeben sind. So soll etwa die Geisenheimer Züchtung *Geheimrat Oldenburg* (1897) aus einer Kreuzung *Minister von Hammerstein* x *Baumanns Renette* entstanden sein. Tatsächlich aber ist die Sorte, wie sich aus der Analyse der Fingerprint-Daten ergibt, aus einer Kreuzung *Kaiser Alexander* x *Ananasrenette* hervorgegangen. Auch die Elternangabe der Geisenheimer Züchtung *Geheimrat Breuhahn* (lt. Lit. aus Samen von

*Abb. Falsche Elternangaben: Die Geisenheimer Züchtung Geheimrat Dr. Oldenburg stammt nicht von Minister v. Hammerstein x Baumanns Renette ab, sondern von Kaiser Alexander x Ananasrenette*

*Halberstädter Jungfernapfel*) hat sich als unzutreffend erwiesen.
Und selbst bei einigen Züchtungen aus neuerer Zeit stimmen nicht immer beide Elternangaben. So stammt nach den FP-Daten die Sorte *Pimona* (*Clivia* x *Undine*) zwar von *Clivia* ab, nicht aber von *Undine*, und die Sorte *Havelgold* (*Undine* x *Auralia*) zwar von *Undine*, nicht aber von *Auralia*.
Im Rahmen der pomologischen Sortenprüfung der Apfelsorten der DGO haben wir solche Elternangaben vor allem dann anhand der genetischen Fingerprints überprüft, wenn sie uns – wie bei den vorgenannten Beispielen – pomologisch nicht plausibel erschienen. In diesen Fällen haben wir „per Hand" einen gezielten Datenvergleich ausgesuchter Sorten vorgenommen. Mit einem entsprechenden Computerprogramm könnte die Suche nach Eltern-Kind-Beziehungen innerhalb eines Datenpools allerdings auch automatisiert erfolgen und im Falle festgestellter Eltern-Kind-Beziehungen neue Indizien für die pomologische Bestimmung liefern.

## Weitere Verwandtschaften nicht direkt ablesbar

Weitreichendere Verwandtschaftsbeziehungen aus dem direkten Datenvergleich zweier Apfelsorten sind mit den hier verwendeten SSR-Testverfahren leider nicht ablesbar. Wenn zum Beispiel die beiden diploiden Sorten *Finkenwerder Prinz* und *Glockenapfel* mit 18 übereinstimmenden Allelen (an 15 der 17 Gen-Orte) eine relativ große „genetische Nähe" aufweisen (von 53 %), kann aus der Datenlage nicht abgelesen werden, ob es sich bei den beiden z. B. um Geschwister, Cousins oder Großeltern-Enkel-Beziehungen handelt (eine Eltern-Kind-Beziehung ist ausgeschlossen, da die beiden Sorten an 2 Gen-Orten kein übereinstimmendes Allel aufweisen). Erst über den Umweg der Ermittlung von Eltern-Kind-Beziehungen zu anderen Sorten ergibt sich aus der SSR-Test-Analyse möglicherweise, in welchem Verhältnis die beiden Sorten zueinander stehen. So konnten bei beiden Sorten die Apfelsorten *Prinzenapfel* und *Boikenapfel* als Elternsorten identifiziert werden, so dass wir nun wissen, dass *Finkenwerder* und *Glockenapfel* (Voll-)Geschwister sind.
Ähnlich verhält es sich z. B. auch bei den beiden triploiden Apfelsorten *Goldrenette von Blenheim* und *Kaiser Wilhelm*: Beide haben mit 72 % übereinstimmenden Allelen zwar eine extrem hohe „genetische Nähe", dennoch kann aus dem direkten Vergleich ihrer SSR-Fingerprintdaten nicht geschlussfolgert werden, in welchem Verwandtschaftsverhältnis sie zueinander stehen (und eine evt. Elternschaft scheidet aufgrund ihrer beider Triploidie nahezu sicher aus). Erst dadurch, dass sich beide als Nachkommen ein und derselben Elternsorte herausgestellt haben (siehe unten), ist inzwischen bekannt, dass es sich um (zumindest Halb-) Geschwister handelt.

## Europäische Stammbaumforschung

Auf europäischer Ebene hat man inzwischen in internationaler Kooperation nicht nur die Fingerprint-Daten von mehr als 8000 Apfelsorten aus über 10 europäischen Ländern miteinander verglichen, sondern versucht zunehmend, Elternschaften und Verwandtschaften zu identifizieren und daraus Stammbäume der Apfelgeschichte zu rekonstruieren.
So sind inzwischen diverse Publikationen molekulargenetischer Analysen erschienen, in denen zunehmend auch die Verwandtschaftsbeziehungen im Mittelpunkt stehen. 2010 publizierten Evans et al. "Genotyping of pedigreed apple breeding material with a genome-covering set of SSRs: trueness-to-type of cultivars and their parentages" und 2013 Storti et al., „Molekulargenetische Analyse des *Maschanzker/ Borsdorfer*-Sortenkomplexes". Es folgten zahlreiche weitere Arbeiten, welche die zunehmende internationale Zusammenarbeit verdeutlichen: LASSOIS ET AL. (2016), LARSON (2017), VANDERZANDE ET AL. (2017), ORDIDGE ET AL. (2018), HOWARD ET AL. (2018), SÄTRA ET AL. (2020), BARIC ET AL. (2020) und schließlich MURANTY ET AL. (2020). Ein typisches Beispiel ist die Arbeit von URRESTARAZU ET AL. (2016), an der 27 Autoren mit der Analyse von 2.400 Genotypen aus 14 Sammlungen beteiligt waren. Teilweise wurden bei diesen Arbeiten die auch im Rahmen der DGO verwendeten SSR-Tests ausgewertet, teilweise aber auch SNP (single nucleotide polymorphism)-Tests, welche noch weitreichendere Aussagen über genetische Verwandtschaften unter Apfelsorten erlauben.

*Abb. Der Glockenapfel – Geschwistersorte des Finkenwerder*

So wertvoll die darin publizierten Verwandtschaftsanalysen und Stammbäume für ein tieferes Verständnis der Apfelgeschichte sind und im Einzelfall auch für die Sortenbestimmung sein können, so sehr ist allerdings auch zu berücksichtigen, dass nicht alle dort genannten Sortennamen auch pomologisch verifiziert sind (s. Artikel PV-Jahresheft 2022, S. 79 ff.). So ist ausgerechnet eine Sorte, die in der Ahnenreihe europäischer Apfelsorten eine bedeutende Rolle gespielt hat – lt. Muranty et al. mit 77 Nachkommen – in den o. g. Publikationen pomologisch falsch bezeichnet worden: bei MURANTY ET AL. 2020 als *Reinette de Hollande* geführt, bei ORDIDGE ET AL. 2018 als *Golden Reinette*.

Mithilfe der genetischen Fingerprints hatten die Autoren der o. g. Publikationen sowohl die beiden Eltern dieses „major founder of European (apple) cultivars" herausgefunden (es sind *Karmeliter Renette* x *Französische Edelrenette*) als auch zahlreiche bekannte Nachkommen identifiziert (u. a. *Goldparmäne*, *Goldrenette von Blenheim*, *Kaiser Wilhelm*, *Harberts Renette* und *Weidners Goldrenette*). Da die drei letztgenannten Sorten in Deutschland entstanden sind, muss es sich offenbar um eine auch in Deutschland ehemals häufige Sorte handeln (die also eigentlich auch in alten Sortenwerken des 19. Jahrhunderts irgendwo erwähnt sein müsste)! Welche einst hier verbreitete – und womöglich verschollene? – Apfelsorte mochte sich hinter der vermeintlichen *Reinette de Hollande* verbergen?

Aus den Daten der o. g. Eltern- und Nachkommensorten ließen sich ohne Weiteres die Fingerprint-Daten der ominösen *Reinette de Hollande* rekonstruieren (die uns zu diesem Zeitpunkt nicht original vorlagen). Diese Daten schickten wir Julius Bette, Mitarbeiter der Universität Marburg, der mithilfe des Computerprogramms GenAlex unter den Daten der DGO-Akzessionen eine DGO-Akzession ermittelte, die genau diese Fingerprint-Daten aufweist. Es war die Müncheberger Akzession Mü-Bö-10-27+28 (dort fälschlich als *Multhaupts Renette* bezeichnet). Von dieser Akzession hatte der Autor dieser Zeilen noch eine bis dato unbearbeitete Fruchtprobe im Kühllager, die nun in Augenschein genommen werden konnte: Dass es sich pomologisch hierbei um die echte, im 19. Jh. mehrfach beschriebene *Orleans Renette* handelt, ist bereits im Jahresheft 2022 ausführlich dargelegt – und ebenso, dass es sich bei der heute in Deutschland als *Orleans Renette* verbreiteten Sorte um die *Neue Orleans Renette* handelt, im 19. Jh. im Rheinland von Pfarrer Henzen aus einem Samen der echten *Orleans Renette* gezüchtet (S. POMOLOG. MONATSHEFTE 1877, S. 275). Geholfen hat bei dieser Recherche also die oben bereits erwähnte „Rekonstruktion" von Fingerprint-Daten, vorgenommen anhand mehrerer verfügbarer Eltern-Nachkommen-Beziehungen.

## Zusammenfassung

Die Analyse von Fingerprint-Daten bezüglich Verwandtschaftsbeziehungen unter Apfelsorten eröffnet somit diverse neue Möglichkeiten auch für die historisch-pomologische Sortenbestimmung. Wie an den genannten Beispielen gezeigt, können mithilfe der Analyse von Eltern-Kind-Beziehungen im Einzelfall pomologische Bestimmungen ermöglicht oder abgesichert werden. Fingerprints ermöglichen eine Überprüfung (und ggf. Korrektur) historischer Elternangaben von Züchtungssorten und die Rekonstruktion von Fingerprint-Daten verschollener Sorten kann ggf. einen Beitrag zu ihrem Auffinden leisten. Eingebettet in einen historisch-pomologischen Kontext können Fingerprints zu einem tieferen Verständnis für die Züchtungsgeschichte der Kulturapfelsorten beitragen. Inzwischen hat die Deutsche Genbank Obst neben den SSR-Fingerprints von allen 1400 Apfelsorten sog. SNP-Tests in Auftrag gegeben. Aus deren Ergebnissen werden sich noch weitergehende Erkenntnisse über die Verwandtschaftsverhältnisse von Apfelsorten gewinnen lassen.

*Weitere Infos zum Thema in unserem Bericht zur pomologischen Bestimmung der Apfelsorten der Deutschen Genbank Obst, siehe: https://tinyurl.com/FingerprintLit (dort runterscrollen bis zum Download).*

*Literaturverzeichnis*


BARIC, SANJA; A. STORTI; M. HOFER ET AL. 2020: Molecular Genetic Identification of Apple Cultivars Based on Microsatellite DNA Analysis. I. The Database of 600 Validated Profiles. – Erwerbs-Obstbau 62, S. 117–154.

EVANS, K. M.; A. PATOCCHI; F. REZZONICO ET AL. 2010: Genotyping of pedigreed apple breeding material with a genome-covering set of SSRs: trueness-to-type of cultivars and their parentages. – In: Mol Breeding. DOI 10. 1007/s1 1032-010-9502-5 (13 p.).

LARSON, BJARNE; T. BO TOLDAM-ANDERSEN; C. PEDERSEN; M. ORGARD 2017: Unravelling genetic diversity and cultivar parentage in the Danish gene bank collection. – In: Tree Genetics&Genomes (2017)13:14, 12 p.

LASSOIS, LUDIVINE; C. DENANCE; E. RAVIN ET AL. 2016: Genetic Diversity, Population Structure, Parentage Analysis, and Construction of Core Collections in the French Apple Germplasm Based on SSR Markers. – Plant Mol. Biol. Rep. 34, 827–844.

LUCAS, E. 1877: Neue Orleans-Renette. In: Pomologische Monatshefte 1877, S. 275.

MURANTY, HELENE; C. DENANCE; L. FEUGEY ET AL. 2020: Using whole-genome SNP data to reconstruct a large multi-generation pedigree in apple germplasm. – In: BMC Plant Biology 20, Article number: (2020):2. – 18 S.: 67 Lit.

ORDIDGE, MATTHEW; PIANPOOL KIRDWICHAI; M. FAZIL BAKSH ET AL. 2018: Genetic analysis of a major international collection of cultivated apple varieties reveals previously unknown historic heteroploid and inbred relationships. – In: PLOS ONE. – Davis, Calif. 13(2018)9: e0202405. – 26 S.: 54 Lit., 4 Tab.

SÄTRA, J. S. AF; M. TROGGIO; F. ODILBEKOV ET AL. 2020: Genetic status of the Swedish Central collection of heirloom apple cultivars. – In: Scientia Horticulturae 2020 Oct. 15; 272:109599

SIMIRENKO, L. P. 1972: Pomologija. Tom I. Jablonja. Kiev: Urozhaj. – 433 S.

SMITH, MURIEL W. G. 1971: National Apple Register of the United Kingdom. London. – 622 S.

STORTI, A.; H.-J. BANNIER; CH. HOLLER ET AL. 2013: Molekulargenetische Analyse des Maschanzker/Borsdorfer-Sortenkomplexes. Erwerbs-Obstbau 62. DOI 10.1007/s 10341-013-0192-0.

URRESTARAZU, JORGE; C. DENANCE E. RAVON ET AL. 2016: Analysis of the genetic diversity and structure across a wide range of germplasm reveals prominent gene flow in apple at the European level. – In: BMC Plant Biology (2026)16:130 (20 p., 78 Lit.).

VANDERZANDE, S.; D. MICHELETTI; M. TROGGIO ET AL. 2017: Genetic diversity, population structure, and linkage disequilibrium of elite and local apple accessions from Belgium using the IRSC array. – In: Tree Genetics § Genomes 2017 Dec. 1; 13(6): 125