****

Abb 1: Segregierender Genort entwickelt in der Nachkommenschaft einer GV x Mal. Kreuzung (1929), DNA Fragmente im PA Gel mit Silber gefärbt

**Abschlussbericht zu Projekt:**

**Genetische Kartierung von Grüner Veltliner** (BWO 11- 220)

Leitung: Ferdinand Regner Mitarbeit: Robert Hack, Stefan Lassl, Stefan Nauer

Laufzeit: 2011 bis 2015

**Einleitung**

 Die Rebsorte Grüner Veltliner hat eine dominante Stellung innerhalb des österreichischen Weinbaues. Nicht zuletzt wegen der zahlreichen Weine mit DAC Gebietsherkunft ist die Sorte besonders auch in sensorischer Hinsicht interessant. Neuzüchtungen mit der Sorte Grüner Veltliner werden immer daran gemessen wie ähnlich oder ident diese Genotypen der Elternsorte sind. Für diese Zwecke wäre es äußerst nützlich eine Kartierung von möglichst vielen Eigenschaften insbesondere jenen, die sich sensorisch wahrnehmen lassen zu haben. Die genetische Karte erlaubt einen Rückschluss, wo im Genom eine Eigenschaft oder die Bildung einer chemischen Substanz lokalisiert ist. Damit lässt sich über die Anwesenheit des entsprechenden Chromosomes auch ein Rückschluß auf Eigenschaften in den entsprechenden Genotypen treffen. Die Erkennung welche Allele vererbt werden, könnte als effizientes Werkzeug in der Selektion verwendet werden. Damit wären bestimmte Eigenschaften in einem sehr frühen Stadium prognostizierbar und die Selektion zielgerichtet steuerbar.

Aus segregierenden Grüner Veltliner Populationen sollten die morphologischen, analytischen und sensorischen Unterschiede herausgefiltert werden. Die Einzelindividuen der Kreuzungen Gr. Veltliner X Malverina einerseits und Gr. Veltliner x Seyval blanc andererseits sollten zum Einsatz kommen. Eigenschaften die nur in einer der beiden Elternsorten vorkommen, können segregieren und können daher in einer Populationsanalyse ermittelt werden.

Das Segregationsverhalten von genetischen Markern sollte mit diesen differierenden Eigenschaften verglichen werden. Im Vergleich unter den verschiedenen Genotypen innerhalb der Population lässt sich eine Gruppierung zu sogenannten Kopplungsgruppen vornehmen. Eigenschaften, die in einer Kopplungsgruppe vererbt werden, sind als gekoppelt zu betrachten. Eine Zuordnung möglichst vieler Genorte zu Kopplungsgruppen ermöglicht die Kartierung von Rebe. Außerdem kann auf schon kartierte Marker zurückgegriffen werden. Somit können genetische Marker entwickelt werden, die an bestimmte Eigenschaften gekoppelt sind und daher in der Selektion einen Vorteil darstellen. Eine Lokalisierung im Genom kann Aufschluss über mögliche genetische Interaktionen geben. Die Analyse dieser Eigenschaft sollte uns die Möglichkeit bieten gezielt nach Genotypen zu suchen, die jene gewünschten Eigenschaften tragen, die z.B. die Typizität eines Weines von GV ausmacht und dennoch deutlich verbesserte Widerstandskräfte aufweist.

**Durchführung**

Zu Beginn des Projektes wurden die Elternsorten Grüner Veltliner, Malverina und Seyval blanc sowie die beiden Populationen 1929 (GV x Malverina) und 1979 ( GV x Seyval blanc) miteinander nach morphologischen, physiologischen, agrarischen und weinanalytischen Kriterien verglichen. Dies beinhaltete sowohl die Prüfung der Sorte in vivo als auch die Herstellung von Weinen und deren sensorische und analytische Bewertung. Alle jene Eigenschaften, die ein Differenzierungspotential erkennen ließen, wurden erhoben und das Segregationsverhalten erfasst. Bedauerlicherweise sind auf Grund von personellen Änderungen und Engpässen die Aromaanalysen bis zum Abschluss des Projektes nur marginal vorhanden, sodass nur eine eingeschränkte Auswertung der Wein relevanten Inhaltsstoffe möglich war. Während der ganzen Laufzeit wurden genetische Marker mit allen diesen Genotypen entwickelt. Die dazu verwendeten SSR Marker gelten als sehr stabil und dienten dazu Kopplungsgruppen zu erkennen und Rückschlüsse auf bestimmte Chromosomen herzustellen. Eine genetische Karte von jeder Elternsorte insbesondere Grüner Veltliner kann damit erstellt werden. Jeder Sämling in den beiden verwendeten Populationen lässt sich damit nach seinem Chromosomen Profil charakterisieren. Als Überprüfung der Kopplung wurden Marker für Selektionszwecke entwickelt und an Einzelindividuen erprobt. Die erstellte Karte wurde dann mit Karten von anderen Sorten verglichen und erlaubt einen Rückschluss auf die Herkunft der Chromosomen.

**Ergebnisse**

Von den ca. 350 verfügbaren SSR Markern wurden 290 ausgewählt und mit den Elternsorten Grüner Veltliner und Malverina sowie Seyval blanc entwickelt. Dabei konnte bei 195 Markern ein verwertbares genetisches Profil hergestellt werden. Davon konnten aber auf Grund der auftretenden Allelunterschiede nur 127 für eine Segregationsanalyse in Betracht gezogen werden. Diese Diskrepanz geht einerseits auf den Verlust von Anlagerungstellen zurück bzw. auch auf das Entstehen von neuen Allelen. Tatsächlich waren es dann nur 92 Marker, die für die Zuordnung zu einem Chromosom benützt werden konnten (Tabelle 1). Der überwiegende Teil der Marker wurde über Polyacrylamid Gele aufgetrennt und mittels Silberfärbung detektiert. Nur einige wenige konnten mit dem Sequenzierautomat entwickelt und mittels Fluoreszenzdetektor ausgewertet werden.

**Population 1929 (GV x Malverina)**

Diese Population besteht aus 65 Pflanzen, wobei zwei Genotypen im Laufe der Analysen als Selbstungen identifiziert wurden (Tab.2). Außerdem konnten homogene Genotypen (vermutlich idente Duplikate) entdeckt werden, die auf Grund der Vermehrung entstanden sein könnten. Die Population entsprach noch weitgehend einer Sammlung von unselektierten Genotypen. Das bedeutet, dass eigentlich alle Chromosomen mit 50% Wahrscheinlichkeit vertreten sein sollten. Die Ähnlichkeit der Allele mit GV war größer als bei Seyval und daher auch geringere Veränderungen von Chromosomen beobachtbar.

Das Chromosom 1 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 4 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Ein einziger Genotyp zeigte mehrfachen Verlust der Markeranlagerungstellen und seine Allele konnten daher nicht zugeordnet werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor.

Das Chromosom 2 ist ebenfalls ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 6 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor.

Das Chromosom 3 zeigte sich auch sehr stabil, sodass mit wenigen Markern (4 SSR) ein Segregationsmuster erstellt werden konnte. Ein Genotyp 1929-45 zeigte keine eindeutige Zuordenbarkeit was das GV Chromosom betrifft. Dies könnte die Folge von einem crossing- over sein. Die Verteilung der Allele ist nicht ganz so gleichmäßig aber lässt keinen substantiellen Vorteil für ein bestimmtes Allel erkennen.

Das Chromosom 4 zeigte stärkere Abweichungen beim Segregationsmuster und es wurden 7 SSR Marker benötigt um das Segregationsmuster zu bestimmen. Die Verteilung der Allele ist nicht ganz gleichmäßig aber lässt keinen substantiellen Vorteil für ein bestimmtes Chromosom erkennen. Allerdings wurde beim Marker VVIP 77 eine eindeutige Bevorzugung des längeren Allelles erkannt. Es tritt praktisch kein Genotyp mit der kurzen Länge auf ausgenommen die Selbstungen, die beide GV Allelle aufweisen. Dennoch liegt ein normales Segregationsmuster sowohl vom GV als auch von Malverina vor.

Das Chromosom 5 zeigte sich zwar sehr stabil, sodass mit wenigen Markern (7 SSR) ein Segregationsmuster erstellt werden konnte. Allerdings war bei 6 Genotypen auf Grund der unterschiedlichen Präsenz von Allellen keine eindeutige Zuordnung des Chromosoms möglich.

Das Chromosom 6 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 4 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor. Allerdings war bei 4 Genotypen keine eindeutige chromosomale Vererbung erkennbar.

Das Chromosom 7 ist zwar ein stabiles Chromosom was die Vererbung der GV Allele betrifft, aber nicht was die Malverina Chromosomen anbelangt. Es ist auch das kürzere Allel bevorzugt weitergegeben worden, sodass keine gleichmäßige Chromosomen Verteilung bei Malverina vorliegt. Es wurden 8 SSR Marker eingesetzt und damit die chromosomale Vererbung definiert.

Das Chromosom 8 ist zwar ein stabiles Chromosom, aber es waren 8 SSR Marker nötig um das Segregationsmuster zu bestimmen. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig, aber es ist auch keine eindeutig Bevorzugung erkennbar. Bei der Malverina Segregation sind 8 Genotypen, bei denen keine eindeutige Zuordnung eines Chromosom möglich ist.

Das Chromosom 9 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 4 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor.

Das Chromosom 10 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 5 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig und so konnte beobachtet werden, dass bei GV das kürzere Allel jeweils seltener auftritt und sich das über das Chromosom einheitlich darstellt.

Das Chromosom 11 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 5 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Die Verteilung ist ziemlich gleichmäßig aber es konnte beobachtet werden, dass Malverina auf diesem Chromosom weitgehend monomorphe Allele besitzt. Dies erschwerte eine eindeutige Zuordnung des Chromosoms.

Das Chromosom 12 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 6 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig und so konnte bei GV eine ungleiche Vererbung festgestellt werden. Ein Genotyp war mit dem Malverina Chromosom nicht eindeutig zuordenbar.

Das Chromosom 13 ist ein weniger stabiles und es konnte zwar mit der Anwendung von 7 SSR Markern eine chromosomale Vererbung definiert werden Aber bei fast allen Markern gibt es mehrere Genotypen wo keine locus Erkennung stattfindet. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig aber eine wesentliche Bevorzugung konnte nicht erkannt werden. Zwei Genotypen waren mit dem Malverina Chromosom nicht eindeutig zuordenbar.

Das Chromosom 14 ist ein weniger stabiles und es konnte zwar mit der Anwendung von 6 SSR Markern eine chromosomale Vererbung definiert werden Aber bei zwei Markern gibt es mehrere Genotypen wo keine locus Erkennung stattfinden konnte. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig aber eine wesentliche Bevorzugung konnte nicht erkannt werden. Vieri Genotypen waren mit dem Malverina Chromosom nicht eindeutig zuordenbar.

Das Chromosom 15 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 4 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor.

Das Chromosom 16 ist ein weniger stabiles und es konnte zwar mit der Anwendung von 5 SSR Markern eine chromosomale Vererbung definiert werden Aber bei zwei Markern gibt es mehrere Genotypen wo keine locus Erkennung stattfinden konnte. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig aber eine wesentliche Bevorzugung konnte nicht erkannt werden. Jedenfalls sind neun Genotypen dabei bei denen das Malverina Chromosom nicht eindeutig zuordenbar war.

Das Chromosom 17 verhielt sich sehr unterschiedlich. Während die GV Chromosomen durch stabile Marker gut in der Segregation verfolgbar waren, konnte bei Malverina trotz erheblicher Anzahl keine heterozygoten loci gefunden werden. Dies bedeutet, dass auch das Chromosom 17 von Malverina kommend weitgehend homozygot ist.

Das Chromosom 18 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 5 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor.

Das Chromosom 19 ist ein weniger stabiles und es konnte zwar mit der Anwendung von 7 SSR Markern eine chromosomale Vererbung definiert werden Aber bei drei Markern gibt es mehrere Genotypen wo keine locus Erkennung stattfinden konnte. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig aber eine wesentliche Bevorzugung konnte nicht erkannt werden. Jedenfalls sind fünf Genotypen dabei bei denen das Grüner Veltliner Chromosom nicht eindeutig zuordenbar war.

**Population 1979 (GV x Seyval blanc)**

Diese Population besteht aus 24 Pflanzen, wobei alle Genotypen als perfekte Hybriden identifiziert wurden. Die Population wurde im Freiland gehalten bzw. weinbaulich kultiviert und entsprach einer Sammlung von vorselektierten Genotypen. Dabei wurden schwachwüchsige und Mehltau anfällig Gentypen durch die mehrjährige Kulturführung bereits eliminiert. Daher ist eine zufällige Verteilung aller Chromosomen eher auszuschließen.

Das Chromosom 1 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 5 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Ein einziger Genotyp zeigte am locus UCH19 den Verlust der Markeranlagerungstellen und seine Allele konnten daher nicht zugeordnet werden. Von beiden Elternsorten liegt eine annähernd gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor.

Das Chromosom 2 ist ebenfalls ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 6 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor.

Das Chromosom 3 zeigte sich auch sehr stabil, sodass mit wenigen Markern (4 SSR) ein Segregationsmuster erstellt werden konnte. Zwei Genotypen zeigten keine eindeutige Zuordenbarkeit was das Seyval Chromosom betrifft. Dies könnte die Folge von einem crossing- over sein. Die Verteilung der Allele ist einigermaßen gleichmäßig.

Das Chromosom 4 zeigte stärkere Abweichungen beim Segregationsmuster und es wurden 7 SSR Marker benötigt um das Segregationsmuster zu bestimmen. Die Verteilung der Allele bei Seyval ist nicht ganz gleichmäßig aber lässt keinen substantiellen Vorteil für ein bestimmtes Chromosom erkennen. Allerdings wurde beim Marker VVIP 77 eine eindeutige Bevorzugung des längeren GV Allelles erkannt. Es tritt praktisch kein Genotyp mit der kurzen GV Länge auf. Dennoch liegt ein normales Segregationsmuster bei GV vor.

Das Chromosom 5 zeigte sich zwar sehr stabil, sodass mit wenigen Markern (7 SSR) ein Segregationsmuster erstellt werden konnte. Allerdings war bei einem Genotyp auf Grund der unterschiedlichen Präsenz von Allellen keine eindeutige Zuordnung des Chromosoms möglich. Die Verteilung der elterlichen Chromosomen ist bei beiden nicht gleichmäßig.

Das Chromosom 6 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 4 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Vom GV Chromosom liegt eine gleichmäßige Verteilung vor. Bei Seyval ist ein Chromosom bevorzugt vorhanden.

Das Chromosom 7 ist ein sehr stabiles Chromosom was die Vererbung der GV Allele betrifft und auch zufriedenstellend was die Malverina Chromosomen anbelangt. Es liegt eine gleichmäßige Chromosomen Verteilung bei GV sowie bei Seyval vor. Es wurden 8 SSR Marker eingesetzt und damit die chromosomale Vererbung definiert.

Das Chromosom 8 ist kein sehr stabiles Chromosom, daher waren 8 SSR Marker nötig um das Segregationsmuster zu bestimmen. Die Verteilung ist fast gleichmäßig,

Das Chromosom 9 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 4 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor.

Das Chromosom 10 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 5 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Die Verteilung ist ziemlich gleichmäßig sowohl bei GV als auch bei Seyval.

Das Chromosom 11 ist ein wenig stabiles und mit der Anwendung von 5 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Diese ist aber nicht gut abgesichert. Die Verteilung ist ziemlich gleichmäßig bei GV aber ungleich bei Seyval. Aber bei fast allen Markern gibt es Genotypen wo keine locus Erkennung stattfinden konnte. Dies erschwerte eine eindeutige Zuordnung des Chromosoms.

Das Chromosom 12 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 6 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Aber bei fast allen Markern gibt es Genotypen wo keine locus Erkennung stattfinden konnte. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig

Das Chromosom 13. ist ein weniger stabiles und es konnte zwar mit der Anwendung von 7 SSR Markern eine chromosomale Vererbung definiert werden Aber bei fast allen Markern gibt es Genotypen wo keine locus Erkennung stattfinden konnte. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig aber eine wesentliche Bevorzugung eines Alleles konnte nicht erkannt werden.

Das Chromosom 14 ist ein weniger stabiles und es konnte zwar mit der Anwendung von 6 SSR Markern eine chromosomale Vererbung definiert werden. Aber bei fast allen Markern gibt es Genotypen wo keine locus Erkennung stattfinden konnte. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig aber eine wesentliche Bevorzugung konnte nicht erkannt werden.

Das Chromosom 15 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 4 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor. Allerdings gibt es von Seyval trotz heterozygoter loci eine momomorphe Vererbung. Dies könnte Indiz für einen wesentlichen Vorteil der kürzeren Allele sein. Die schon durchgeführte Selektion hat damit das kürzere Allel bevorzugt. Genotypen, die dieses aufweisen haben eine bessere Widerstandsfähigkeit gegen Mehltau erkennen lassen.

Das Chromosom 16 ist ein stabiles und es konnte mit der Anwendung von 5 SSR Markern eine chromosomale Vererbung definiert werden Es gibt zwar bei fast allen zwei Markern mehrere Genotypen wo keine locus Erkennung stattfinden konnte. Die Verteilung ist nicht ganz gleichmäßig, denn eine wesentliche Bevorzugung bei der Seyval Vererbung zu Gunsten der kürzeren Allele konnte erkannt werden.

Das Chromosom 17 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 5 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Die Verteilung der Chromosomen ist für beide Elternsorten gleichmäßig.

 Das Chromosom 18 ist ein relativ stabiles und bereits mit der Anwendung von 5 SSR Markern konnte eine chromosomale Vererbung definiert werden. Von beiden Elternsorten liegt eine gleichmäßige Verteilung der Chromosomen vor. Aber die GV Vererbung erlaubt nicht bei allen Genotypen eine einwandfreie Zuordnung

Das Chromosom 19 ist ein weniger stabiles und es konnte zwar mit der Anwendung von 7 SSR Markern eine chromosomale Vererbung definiert werden Aber bei drei Markern gibt es mehrere Genotypen wo keine locus Erkennung stattfinden konnte. Die Verteilung der Chromosomen ist gleichmäßig. Aber es sind fünf Genotypen dabei bei denen das Seyval Chromosom nicht eindeutig zuordenbar war.

Der allgemeine Informationsgewinn zu den einzelnen Chromosomen der Rebe ermöglicht eine Selektion auf Basis der Chromosomen. Einerseits kann damit die Abstammung eines Chromosoms von *Vitis vinifera* erkannt werden (Herzog et al. 2013) andererseits gezielt nach bestimmten Eigenschaften gesucht werden.

Segregierende Eigenschaften:

Die bekannten QTLs können zur Auswahl der Chromosomen in der Selektion beitragen.

So entsteht die Vitalität eines Genotypes an den Chromosomen 5 (VMC6e10), 8 (VMC1b11), 10 ( VMC 2a10), 11 (VVIP 36 ) und 19 (VVIV 70). Die Widerstandsfähigkeit gegen Peronospora liegt auf den Chromosomen 12 (VMC 8g9) 8, 17 und 7 Der Beitrag zur Feldresistenz ist dabei vom Chromosom 12 zum Chromosom 7 abnehmend. Die Resistenz gegen Oidium ist mit dem Marker VVIV 67 bzw. VMC 4d9.2 gekoppelt die am Chromosom 15 liegen. Da die Population 1979 schon in Hinblick auf Oidium Festigkeit vorselektiert wurde, gibt es hier keine Segregation mehr zu beobachten. Alle Genotypen tragen jenes Allel, dass dazu beiträgt, dass die Pilzwiderstandsfähigkeit gegen Oidium ausgelöst wird. Hingegen in der Population 1929 sind beide Chromosomen von Malverina auffindbar. Die beschriebene Resistenzquelle wird als Ren 3 bezeichnet. Genotypen, die bisher positiv aufgefallen sind, wurden auf die Anwesenheit der Ren 3 Marker überprüft.

Auf dem Chromosom 7 liegt beim Marker VMC7a4 der Beginn der Reife. Folglich kann mit der Auswahl auf diesem chromosom der Erntezeitpunkt bestimmt werden. Ausgelöst wird dies durch die Ethylengene, die sehr nahe auch am Chromosom 7 lokalisiert sind. Es sind dies jedoch endogene Ethylene, die die Reife einleiten und steuern. Andererseits ist auch der Aufbruch der Knospen am Chromosom 7 determiniert.

Die Beerenfarbe an Hand der Anthocyanbildung oder eben fehlender Anthocyane (wie bei den vorliegenden Populationen liegt am Chromosom 2. Die Zucker Akkumulation findet sich auf Chromosom 3 beim GV kann hier mit dem positiven Einfluss der Allele vom Traminer gerechnet werden. Traminer vererbt nachweislich sehr hohe Zuckerbildungsraten. Hingegen wird die Quantität der Beeren am Chromosom 19 bestimmt.

Die Synthese von Terpenen ist hauptsächlich am Chromosom 5 nahe des Vrzag 79 Markers lokalisiert. Da der Grüne Veltliner mit seiner pfeffrigen Note in Form von Rotundon ein in der Züchtung erhaltenswertes Profil besitzt, sollte gerade dieses Chromosom erhalten bleiben. Es stammt vermutlich von der Elternsorte Traminer, die bekannt ist für eine intensive Terpensynthese.

Weniger agrarisch interessant sind die ampelographischen Eigenschaften: Die Anthocyanfärbung der jungen Triebspitze findet sich am Chromosom 1 genauso wie die Ausbildung von Haaren auf der Unterseite von jungen Blättern (auch auf Chr 2). Schließlich kann auch die Ausbildung der Stielbucht dem Chromosom 1 zugeordnet werden. Ebenfalls dort ist die Ausprägung der Wellung zwischen den Haupt und Nebennerven zu finden. Die Anzahl der Lappen am Blatt wird am Chromosom 2 bestimmt. Am Chromosom 3 wird auch die Bildung der Haare an der Triebspitze festgelegt. Am Chromosom 4 werden die Blattgröße und die Länge der Ranken bestimmt. Aber auch das Trieblängenwachstum ist dort lokalisiert. Am Chromosom 5 liegt die Dichte der Triebspitzen Behaarung aber auch die Dichte der Behaarung zwischen den Adern findet sich dort. Am Chromosom 9 konnte die Ausbildung von Hypertrophien, wie sie sich bei Pockenmilbenbefall entwickeln, bestimmt werden. Am Chromosom 11 liegen die Gene für die Aufnahme und den Transport für Mg. Dort kommt es relativ häufig zu Störungen und derartige Sämlinge werden frühzeitig eliminiert. Am Chromosom 17 dürfte die Borsten Ausbildung an der Blattunterseite zwischen den Blattadern liegen.

Wissenschaftlich- wirtschaftliche Bedeutung: Die Rebsorte Grüner Veltliner hat eine überragende ökonomische Bedeutung für den heimischen Weinbau. Umso wichtiger erscheint es, dass wir über die Sorte Eigenschaften und Geschmacksrichtungen erfassen von denen bisher wenig Information verfügbar war. Die Durchleuchtung der genetischen Eigenschaften brachte uns einen ganz erheblichen Schritt näher zu einer Züchtung mit erfassbaren kontrollierten Bedingungen. Marker unterstütze Auswahl von Chromosomen ermöglicht die gezielte Selektion von Eigenschaften. In eingeschränkter Weise lässt sich damit ein züchterisches Design verfolgen.

Die Weiterentwicklung des Grünen Veltliners zu einer Sorte mit höheren Widerstandskräften gegen die Mehltaupilze ist mit der Auswahl der Sorte Donauveltliner (Tab. 3) gelungen. Natürlich liegt damit kein völlig identer pilzwiderstandsfähiger Veltliner vor. Aber das genetische Potential, das im GV steckt und in erster Linie von der Traminer Abstammung resultiert, konnte genützt werden. Die Weinbranche insbesondere die Betriebe die biologisch oder nachhaltig produzieren wollen, können diese Sorte in Zukunft verwenden. Die Bereitstellung der Sorte Donauveltliner (Abb.2) ist noch von den Klassifizierungen in den Bundesländern abhängig. Es dürfte aber diesbezüglich keine Probleme geben.

Mit der genetischen Selektion über die Chromosomen lässt sich die Geschwindigkeit und Effizienz solcher Züchtungsschritte ordentlich beschleunigen. Vor allem aber auch die Entscheidung in der Selektion kann damit abgesichert werden. Genetische Marker für die Schlüsseleigenschaften der Sorte könnten diese Beschleunigung bewirken. Dieses Projekt hat aber auch in der genetischen Erforschung der Rebsorte Grüner Veltliner einen wesentlichen Beitrag erbracht. Es bleibt zu hoffen, dass die Märkte und Produzenten den Vorteil erkennen und die Sorte in Zukunft intensiv nutzen werden.

Tab. 1 SSR Marker für die Erstellung der Segregationsmuster von GV Populationen 1929 und 1979

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Chromosom | erfolgreich  | unbrauchbar |
| 1 | Vrzag29, UCH19, VMC4d2, VMC3g9 | UCH29, Scu4 |
| 2 | VVIo55, Vrzag93, VVIB01, ISV3, VMC3b10 | VVIB23 |
| 3 | VVMD28, VMC1g7 | VMC4c8, VMC2e9 |
| 4 | VVMD32, VVIP77,VMC7h3, Vrzag21, Vrzag82, VVIT30,VMC6g10 |   |
| 5 | VVMD27, VVIN40, VMC3b9,VMC5e11, | Vrzag79, VVIN33, VMC6e10 |
| 6 | VMC2g2,VMC4h5, VMC4g6, VMC2h9 |   |
| 7 | VVMD7, VVMD31, Vrzag62, VVIP75, VMC5h5, VMC5e2.2, VMC8d11 , VMC16f3  |   |
| 8 | VVS4,VMC1e, VMC5g6.1,VMC1b11 , VMC2h10, VMC2f12, VMCNG2e2 , VMC4d3, |   |
| 9 | VMC2d9, VMC2e2,VMC3h5 | VMC1c10 |
| 10 | Vrzag64,Vrzag67, VRG1, VMC2e8, VMC2a10 | Vrzag25,  |
| 11 | VVMD8, VVIV35 | VVMD25, VVIP36A, UDV17, UDV48, A005, VMC6c3 |
| 12 | Scu5, VMC2h4, VMC4h2, VMC4a9, VMC8g9 | VMC1g3.2, VMC5c6, VMC4f3.1, |
| 13 | VVS1, VMC9h4.2,VMC2a3, VMC3d8, VMC5g11, VMC3e5,  | VMC8e6 |
| 14 | Vrzag112, VVIP05, VMC2e3, VMC6e1,  | VRG9,VMC2b11, VMC2c3, |
| 15 | VVMD30, VVIV67, VMC5g8, VMC4d9.2, |   |
| 16 | VVMD5, SCU14, VVIV17, VMC4b7.2, VMC5a10 |   |
| 17 | VVIq22b,VMC2h3, VMC3a9, VMC3c11.1, | Scu6, VVIB09, VVIP47b, VVIS63, VVIV08, VVIP44, UDV103,VMC9g4 |
| 18 | VVIN16, VMC2b1.1,VMC6f11, VMC8f4, VMCNG1b9, | VVIP8, VMC7f2 |
| 19 | VVIV70, VVIP17A, VMC9a2.1,VMC3b7.2, VMC6c7, VMC7b1, VMC5h11,  |   |

Tab. 2 Segregation am Chromosom 10 in einer Auswahl von Genotypen der Population 1929 (Gr. Veltliner x Malverina). 1929-11 als Selbstung erkennbar

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|   | Chromosom 10 |   |   |
| Genotyp | VRZAG 64 | VRZAG 67 | VRG 1 | Cor 5 | Cor 13 |   |   |
| GV | 139 | 143 | 124 | 156 | A | C | B | D | 111 | 117 |   |   |
| Malverina | 137 | 143 | 130 | 156 | B | C | C | 0 | 107 | 119 | GV | Mal |
|   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
| 1929-1 | 139 | 143 | 124 | 156 | A | C | D | 0 | 107 | 111 | A | B |
| 1929-11 | 139 | 143 | 124 | 156 | A | C | B | D | 111 | 117 | AB |   |
| 1929-13 | 137 | 143 | 130 | 156 | B | C | B | C | 117 | 119 | B | A |
| 1929-15 | 139 | 143 | 124 | 156 | A | C | D | 0 | 107 | 111 | A | B |
| 1929-16 | 143 | 143 | 156 | 156 | C | C | D | 0 | 107 | 117 | B | B |
| 1929-17 | 139 | 143 | 124 | 156 | A | C | D | 0 | 107 | 111 | A | B |
| 1929-18 | 137 | 143 | 130 | 156 | B | C | B | C | 117 | 119 | B | A |
| 1929-19 | 137 | 143 | 130 | 156 | B | C | B | C | 117 | 119 | B | A |
| 1929-2 | 137 | 143 | 130 | 156 | B | C | B | C | 117 | 119 | B | A |
| 1929-20 | 137 | 139 | 124 | 130 | A | B | D |   | 111 | 117 | A | A |
| 1929-21 | 137 | 139 | 124 | 130 | A | B | C | D | 111 | 119 | A | A |
| 1929-22 |   | 143 | 124 | 156 | A | C | D | 0 | 107 | 111 | A | B |
| 1929/55 | 139 | 143 | 156 | 156 | C | C | B | C | 107 | 117 | B | B |
| 1929/56 | 143 | 143 | 156 | 156 | C | C | B | 0 | 107 | 117 | B | B |

Tab. 3 Segregationsmuster der Sorte Donauveltliner, entstammt einer Kreuzung Gr. Veltliner x Seyval blanc (1979-10-1-24)





Abb 2. Traube und adultes Blatt der Sorte Donauveltliner

Literatur:

BELLIN, D., PERESSOTTI, E., MERDINOGLU, D., WIEDEMANN-MERDINOGLU, S., ADAM-BLONDON, A.-F., CIPRIANI, G., MORGANTE, M., TESTOLIN, R., and DI GASPERO, G. 2009: [Resistance to \*Plasmopara viticola\* in grapevine 'Bianca' is controlled by a major dominant gene causing localized necrosis at the infection site.](http://www.vitis-vea.de/Englisch/info.php?auswahl=61098&PHPSESSID=4632293b360ee6cce417672881827161) Theoretical and Applied Genetics 120, 163-176

Calonnec A, Wiedemann-Merdinoglu S, Deliere L, Cartolaro P, Schneider C, Delmotte F.2013 The reliability of leaf bioassays for predicting disease resistance on fruit. A case study on grapevine resistance to downy and powdery mildew. Plant Pathol. 62: 533-544

Grando MS, Bellin D, Edwards KJ, Pozzi C, Stefanini M, et Velasco R. 2003 Molecular linkage maps of Vitis vinifera L. and Vitis riparia Mchx. Theor Appl Genet 106:1213–1224

Grando St., 2010. Genetic linkage maps of two interspecific grape crosses (Vitis spp.) used to localize quantitative trait loci for downy mildew resistance. Tree Genetics & Genomes DOI 10.1007/s11295-010-0322-x

Herzog E., Töpfer R., Hausmann L., Eibach R., and M. Frisch 2013 Selection strategies for marker –assisted background selection with chromosome-wise SSR multiplexes in pseudo-backcross programs for grapevine breeding Vitis 52 (4):193-196

MARGUERIT, E., BOURY, C., MANICKI, A., DONNART, M., BUTTERLIN, G., NEMORIN, A., WIEDEMANN-MERDINOGLU, S., MERDINOGLU, D., OLLAT, N., and DECROOCQ, S. 2009: Genetic dissection of sex determinism, inflorescence morphology and downy mildew resistance in grapevine. Theoretical and Applied Genetics 118, 1261-1278

Moreira F., Madini A., Marino R., Zulini L., Stefanini M., Velasco R., Kozma P.,

Welter LJ., Göktürk-Baydar N., Akkurt M., Maul E., Eibach R., Töpfer R., Zyprian EM., 2007b Genetic mapping and localization of quantitative trait loci affecting fungal disease resistance and leaf morphology in grapevine (Vitis vinifera L) Mol Breeding 20: 359-374

 Regner, F., Hack, R., Hanak, K., J.-L. Santiago 2006 Variability within the cultivar “Gruener Veltliner” 2006, Acta Horticulurae 827: 245-251

Regner, F. and R. Hack 2009 Reconstructing the heritages of Grüner Veltliner and Sauvignon blanc from crossings with Traminer by SSR analyses Mitteilungen Klbg. 59: 199-208

Salmaso M(1), Malacarne G, Troggio M, Faes G, Stefanini M, Grando MS, Velasco R 2008 A grapevine (Vitis vinifera L.) genetic map integrating the position of 139, expressed genes Theor Appl Genet.116(8):1129-43. doi: 10.1007/s00122-008-0741-3

Santiago,J-L. Mandl,K., Hack, R. and Regner F., 2006 Quantitative Trait Loci Analysis of Erinose (*Eriophyes vitis* Pgst.) on a Genetic Map Welschriesling x Sirius. 2006. Acta Horticulurae 827: 341-346

Zusammenfassung

Die Rebsorte Grüner Veltliner hat mit mehr als einem Drittel der Anbaufläche eine dominante Stellung innerhalb des österreichischen Weinbaues. Neuzüchtungen mit erhöhter Pilzwiderstandsfähigkeit müssen sich daher an dieser Sorte orientieren. Sie werden insbesondere im Hinblick auf die sensorische Weinqualität immer daran gemessen wie ähnlich oder ident diese Genotypen der Elternsorte sind. Für diese Zwecke wäre es äußerst nützlich in der Rebenzüchtung eine genetische Kartierung von möglichst vielen Eigenschaften der Sorte zu besitzen. Eine genetische Karte erlaubt einen Rückschluss, wo im Genom eine Eigenschaft oder die Bildung einer chemischen Substanz lokalisiert ist. Damit lässt sich über die Anwesenheit des entsprechenden Chromosoms auch ein Rückschluss auf Eigenschaften in den entsprechenden Genotypen treffen. Die Erkennung welche Allele vererbt wurden kann mit Markern erfasst werden und bei Übereinstimmung mehrerer Marker ein Rückschluss auf das entsprechende Chromosom getätigt werden. Selektion mit der entsprechenden Auswahl an Chromosomen erhöht die Treffsicherheit und erleichtert die Auswahl der Zuchteliten. Damit sind bestimmte Eigenschaften in einem sehr frühen Stadium prognostizierbar und die Selektion zielgerichtet steuerbar. Im vorliegenden Projekt wurden zwei Populationen mit Grüner Veltliner bearbeitet. Eine entstammte von einer Kreuzung mit Seyval blanc (1979) und die andere von Malverina (1929). Beide Genotypen sind Resistenzträger gegen Echten und Falschen Mehltau. Von den ca. 350 verfügbaren SSR Markern wurden 290 ausgewählt und mit den Elternsorten sowie den Genotypen der Populationen (insgesamt ca. 70 Genotypen) entwickelt. Dabei konnte bei 195 Markern ein verwertbares genetisches Profil hergestellt werden. Davon konnten aber auf Grund der auftretenden Allel Unterschiede nur 127 für eine Segregationsanalyse ausgewertet werden. Tatsächlich waren es dann nur 92 Marker, die für die Zuordnung zu einem Chromosom benützt werden konnten. Dennoch konnte mit diesen Markern das Segregationsverhalten in den Populationen erkannt werden und Genotypen mit bestimmten Allelen definiert werden. Insbesondere aus der Population 1979 wurde ein Genotyp ausgewählt, der hohe Widerstandskraft gegen die Mehltaupilze zeigt und im Wein sensorisch große Ähnlichkeit mit einem reifen Grünen Veltliner erkennen lässt. Die Sorte Donauveltliner wurde auf ihre Chromosomen hin analysiert und ein hoher Prozentsatz konnte auf Traminer Abstammung zurückgeführt werden.