

Genetische Faktoren der Lockerbeerigkeit

Eva ZYPRIAN

JKI - Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof, Siebeldingen

Rebsorten, welche bei der Reife lockere Trauben bilden, bieten in der Weinbaupraxis viele Vorteile: So drücken sich die Einzelbeeren nicht gegenseitig ab, was zu kleinen Rissen in der Beerenhaut führt und damit eindringenden Pilzen Tür und Tor öffnet. Nach Regenfällen bleiben keine Wasserreste zwischen den Einzelbeeren, sondern die Fruchtstände werden gut durchlüftet und trocknen schneller ab. Auch damit wird einem Pilzbefall entgegengewirkt. Zudem ist bei der Applikation von Pflanzenschutzmitteln eine bessere Zugänglichkeit in das Innere der Traube gegeben, was die Effizienz der Behandlung erhöht (Abb. 1). Diese Vorteile äußern sich in einer besseren Widerstandsfähigkeit, z. B. gegen *Botrytis cinerea* (*Botryotinia fuckeliana*), den Erreger der Graufäule. Gegen diesen ubiquitären Schaderreger sind keine zellulären Abwehrmechanismen bekannt, so dass zur Verbesserung der Widerstandsfähigkeit gegen

Botrytis in der Rebenzüchtung auf morphologische/physikalische Faktoren zurückgegriffen werden muss, wie das Merkmal der Lockerbeerigkeit oder auch die Festigkeit der Beerenhaut. Lockerbeerigkeit ist daher ein erwünschtes Merkmal in der Züchtung.

Moderne Rebenzüchtung wird heute vom Einsatz molekularer Marker unterstützt, die bereits bei sehr jungen Sämlingen aus kontrollierten Kreuzungen die Vererbung gewünschter Merkmale erkennen lassen. Dies funktioniert bereits sehr gut für Resistenzgeneigenschaften gegen den Falschen und den Echten Mehltau, da hier genetische Marker erarbeitet wurden, welche die Vererbung der Resistenz anzeigen. Eine Kombination unterschiedlicher Resistenzorte kommt hierbei zum Einsatz, um eine nachhaltige, multifaktorielle Resistenz in den Neuzüchtungen zu erreichen. Für andere Merkmale, wie die Lockerbeerigkeit, steht die Identifikation von Markern aus genetischen Regionen,



Abb. 1: Individuen mit kompakter (links) und lockerer (rechts) Struktur des Traubengerüsts aus der bezüglich der Lockerbeerigkeit spaltenden Testpopulation (Fotos: RICHTER/ZYPRIAN, JKI).

welche die Merkmalsausprägung beeinflussen, jedoch noch am Anfang. Aus diesem Grund haben wir in einem Forschungsprojekt gemeinsam mit Partnern vom Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung in Köln Untersuchungen zu den genetischen Grundlagen der Lockerbeerigkeit durchgeführt.

Zunächst wurden hierbei die etwa 150 Nachkommen aus einer Kreuzung von CALARDIS MUSQUÉ mit VILLARD BLANC auf ihre Lockerbeerigkeit untersucht. In dieser Familie gab es große Unterschiede in den Merkmalen, welche die Lockerbeerigkeit beeinflussen, z.B. die Länge der Beerenstielchen an den Einzelfrüchten oder die Gesamtlänge des Traubengerüsts. Sehr viele solcher Merkmale wurden aufwändig direkt an Trauben im Feld und aus Bildern von Trauben vermessen. Mit Hilfe statistischer Verfahren wurde ermittelt, welche dieser „Untermerkmale“ für die Ausprägung der Lockerbeerigkeit wirklich wichtig sind; darunter Faktoren wie Gerüstellänge, Schulter im Traubengerüst, Beerenanzahl, mittleres Beerenvolumen und die Beerenstielchenlänge. Anschließend wurde die genetische Konstitution der einzelnen Kreuzungssämlinge mit ihren Werten in den wichtigen „Untermerkmalen“ korreliert, wodurch genetische Regionen identifiziert werden können, die die untersuchte Eigenschaft bestimmen. Dazu benötigt man eine genetische Karte der Eltern mit auf den Chromosomen verankerten genetischen Markern (kleinen genetischen Elementen, die man im Labor gut analysieren kann) der untersuchten Sämlingspopulation, die im Fall dieser Kreuzungsfamilie aus früheren Studien zur Vererbung von Resistenzfaktoren gegen den Echten und den Falschen Mehltau (ZYPRIAN *et al.* 2016) schon bekannt war. Das Ergebnis zeigte sehr viele genetische Regionen, verteilt über fast alle Chromosomen, die an der Ausprägung der Lockerbeerigkeit mitwirken. Dies zeigt, dass hier viele genetische Faktoren und sicher auch Umwelteinflüsse eine Rolle spielen. Eine strenge Prüfung der Ergebnisse zeigte jedoch auch, dass viele genetische Faktoren für die Untermerkmale der Lockerbeerigkeit, z.B. Beerenanzahl, Traubengewicht und Beerenstielchenlänge gemeinsam von einer ge-

netischen Region gesteuert werden. So konnten letztendlich Regionen auf sieben Chromosomen bestimmt werden, welche die Ausprägung der Lockerbeerigkeit steuern (RICHTER *et al.* 2019). Diese Regionen sind groß und enthalten jeweils mehrere interessante Gene. Dennoch können aus diesen Regionen jetzt erstmals dort lokalisierte genetische Marker auf ihre Korrelation mit Lockerbeerigkeit auch in anderen Kreuzungs-Nachkommenschaften und Rebsorten getestet werden. Bedingt durch die Komplexität des Merkmals ist hier noch einiges an Arbeit zu leisten, um die besten züchterisch wertvollen Marker zu erarbeiten.

Daher wurde parallel zu der oben beschriebenen genetischen Kartierung noch ein alternativer Ansatz gewählt: Hierbei wurden Gene gesucht, die im Vergleich zwischen lockerbeerigen und kompaktbeerigen SPÄTBURGUNDER-Klonen zum entscheidenden Zeitpunkt des Wachstums unterschiedlich aktiv sind. Der kritische Entwicklungszeitpunkt im Wachstum des Traubengerüsts musste zuerst ermittelt werden. Detaillierte Messungen ergaben, dass es eine bestimmte Phase in der Entwicklung des Traubengerüsts gibt, in welcher die später lockerbeerigen Traubengerüste sich viel schneller strecken, als die wachsenden Traubengerüste von Reben, die kompaktbeerige Trauben ausbilden (RICHTER *et al.* 2017; Abb. 2). Diese kritische Phase erfolgt im Entwicklungszustand BBCH57 (direkt vor der Blüte) bis BBCH71 (zum frühen Fruchtansatz). Molekulare Untersuchungen in diesem Zeitpunkt zur unterschiedlichen Aktivität von Genen während dieser Entwicklungsphase ergaben bei den SPÄTBURGUNDERN v.a. die Beteiligung eines Transkriptionsfaktorgens, *VvGRF4*, das hier bei kompakten und lockerbeerigen SPÄTBURGUNDER-Klonen unterschiedlich reguliert wird (ROSSMANN *et al.* 2020).

Diese Charakterisierungen von unterschiedlich aktiven Genen wurden auf SPÄTBURGUNDER-Klone an drei Standorten (Pfalz, Hessen, Baden) ausgeweitet und über drei Jahre verfolgt. Dabei bestätigte sich die Rolle des Gens *VvGRF4* unter 14 weiteren an der Ausprägung der Lockerbeerigkeit beteiligten Genen. Eine anschließende Erweiterung des Testmaterials in

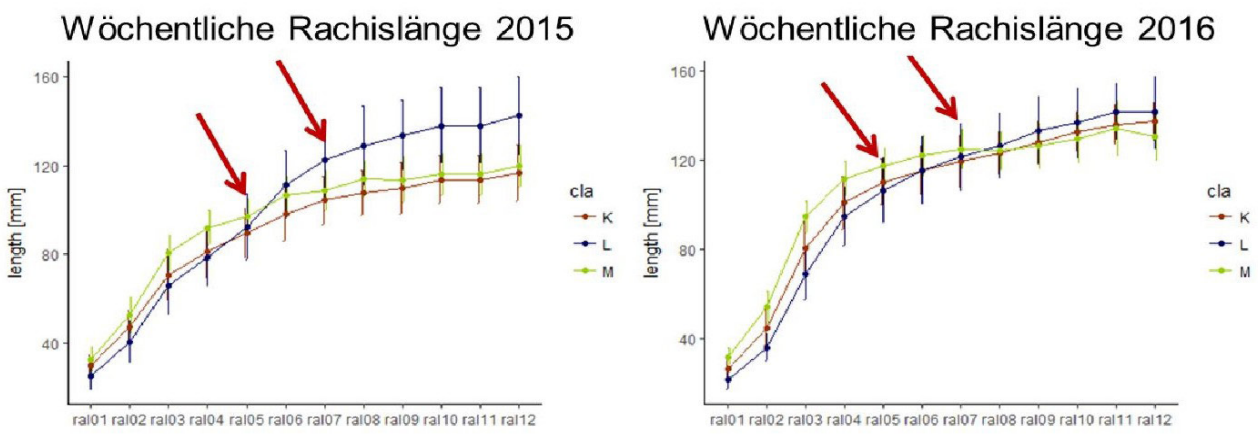


Abb. 2: Messung der Länge der Rachis (Länge des Fruchtstandes; Mittelwerte) am Standort Pfalz wöchentlich von Mai bis August 2015 und 2016. K = kompakte, m = mischbeerige und l = lockerbeerige Klone des SPÄTBURGUNDERS. (Grafik: Robert RICHTER, JKI).

weitere Rebsorten, z.B. die Referenzsorten UVA RARA und PROSECCO für Lockerbeerigkeit aus den OIV (Office Internationale de la Vigne et du Vin, Internationales Amt für Reben und Wein, Paris) Deskriptoren, zeigte jedoch, dass der Einfluss des Gens *VvGRF4* auf die Lockerbeerigkeit nur bei den SPÄTBURGUNDER-Klonen besteht. In dem erweiterten Sortensatz an lockeren und kompakten Reben wurden sieben Gene aus dem SPÄTBURGUNDER-Vergleich in ihrer Bedeutung für die Entstehung der Lockerbeerigkeit bestätigt. Insbesondere ein Gen für einen anderen Transkriptionsfaktor, *PRE6*, und sechs Gene aus der Wachstumsregulation der Fruchtstände konnten als maßgeblich an der Ausprägung der Lockerbeerigkeit beteiligte Faktoren identifiziert werden (RICHTER *et al.* 2020). Dieses neue Wissen bietet nun die Möglichkeit, die unterschiedlich aktiven Gene in ihren Sequenzen zu studieren und daraus neue Marker für die züchterische Selektion auf Lockerbeerigkeit zu erarbeiten.

Diese Arbeiten wurden von Herrn Robert RICHTER im Rahmen seiner Dissertation in der AG von Eva ZYPRIAN in Kooperation mit den Partnern Susanne ROSSMANN und Klaus THERES vom Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung in Köln durchgeführt.

Unsere Kollegin Doreen GABRIEL vom JKI Institut für Pflanzenbau und Bodenkunde in Braunschweig unterstützte die statistische Auswertung.

Wir bedanken uns für die Förderung durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages im Rahmen des BÖLN Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft mit dem Projekt: MATA-Molekulare Analyse der Traubenstruktur FKZ: 11NA056 (Eva ZYPRIAN) und FKZ: 11NA093 (Klaus THERES), Laufzeit 01.10.2014 bis 30.09.2017 (Bericht abrufbar unter www.orgprints.org/32365).

Projektbezogene Publikationen

RICHTER, R.; GABRIEL, D.; RIST, F.; TÖPFER, R.; ZYPRIAN, E.; 2019: Identification of co-located QTLs and genomic regions affecting grapevine cluster architecture. *Theor. Appl. Genet.* **132**, 1159-1177. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3269-1>

RICHTER, R.; ROSSMANN, S.; GABRIEL, D.; TÖPFER, R.; THERES, K.; ZYPRIAN, E.; 2020: Differential expression of transcription factor- and further growth-related genes correlates with contrasting cluster architecture in *Vitis vinifera* 'Pinot Noir' and *Vitis* spp. genotypes. *Theor. Appl. Genet.* (publ. online 18 August 2020). DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03667-0>

RICHTER, R.; ROSSMANN, S.; TÖPFER, R.; THERES, K.; ZYPRIAN, E.; 2017: Genetic analysis of loose cluster architecture in grapevine. 40th World Congress

of Vine and Wine, Sofia, Bulgaria, 29 May - 2 June 2017. BIO Web Conf. **9**, art. 01016. DOI: <https://doi.org/10.1051/bioconf/20170901016>

ROSSMANN, S.; RICHTER, R.; SUN, H.; SCHNEEBERGER, K.; TÖPFER, R.; ZYPRIAN, E.; THERES, K.; 2020: Mutations in the miR396 binding site of the growth regulating factor gene VvGRF4 modulate inflorescence architecture in grapevine. *Plant J.* **101**, 1234-1248. DOI: <https://doi.org/10.1111/tpj.14588>

ZYPRIAN, E.; OCHSSNER, I.; SCHWANDER, F.; SIMON, S.; HAUSMANN, L.; BONOW-REX, M.; MORENO-SANZ, P.; GRANDO, M. S.; WIEDEMANN-MERDINOGLU, S.; MERDINOGLU, D.; EIBACH, R.; TÖPFER, R.; 2016: Quantitative trait loci affecting pathogen resistance and ripening of grapevines. *Mol. Genet. Genomics* **291**, 1573-1594. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00438-016-1200-5>

ZYPRIAN, E.; RICHTER, R.; ROSSMANN, S.; THERES, K.; TÖPFER, R.; 2019: Molecular analysis of bunch architecture in grapevine. *Acta Hort.* (ISHS) **1248**, 327-339 DOI: <https://doi.org/10.17660/ActaHort.2019.1248.47>